PCT WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro
INTERNATIONALE [redacted]ELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 :
C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17

A2

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: **WO 99/47669**

(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/00908

(22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99)

(30) Prioritätsdaten:
198 13 839.3 20. März 1998 (20.03.98) DE

(71) Anmelder *(für alle Bestimmungsstaaten ausser US)*: METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D–14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und
(75) Erfinder/Anmelder *(nur für US)*: SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D–12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D–13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D–14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich–Lange–Strasse 13c, D–01474 Schönfeld–Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore–Procheska–Strasse 6, D–14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D–10115 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Veröffentlicht
Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS

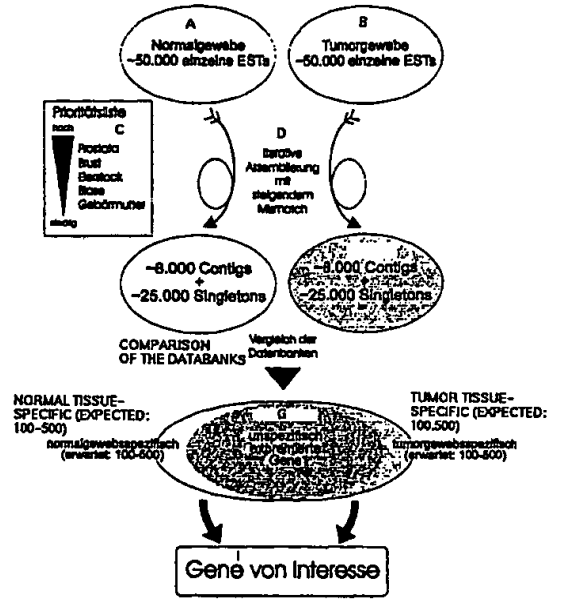
(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufug nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.
Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Seqüenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)
Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.
Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
Brust	0.0053	0.0458	0.1165	8.5843
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899	11.1243
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843
Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601	1.1626
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855	3.5025
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6161
Prostata	0.0048	0.0043	1.1186	0.8939
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0228
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0010
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

2.1.2.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft „macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0052
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0410
Nerven	0.0000
Prostata	0.0449
Sinnesorgane	0.0000

2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0111
Niere	0.0000
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0064
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0156
Lunge	0.0164
Nerven	0.0030
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
Brust	0.0067	0.0174	0.3822	2.6162
Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233	4.4791
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964	0.3230
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0137	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138	1.4010
Niere	0.0030	0.0342	0.0868	11.5165
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0092
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0093
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0227
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0291
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0218			
Prostata-Hyperplasie	0.0357			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0154
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0123
Lunge	0.0111
Niere	0.0124
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0183
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0076
Gastrointestinal	0.0488
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0259
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0090
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223	0.4306
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651	1.3069
Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0167	0.0128	1.3051	0.7662
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0062
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0047
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0256
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0186	0.0051	3.6370	0.2750
Brust	0.0147	0.0261	0.5606	1.7838
Eierstock	0.0182	0.0234	0.7791	1.2836
Endokrines_Gewebe	0.0456	0.0245	1.8605	0.5375
Gastrointestinal	0.0233	0.0190	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0314	0.0230	1.3639	0.7332
Haematopoetisch	0.0196	0.0378	0.5175	1.9325
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0388	0.1275	7.8416
Herz	0.0328	0.0275	1.1947	0.8371
Hoden	0.0183	0.0351	0.5224	1.9144
Lunge	0.0149	0.0284	0.5267	1.8986
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0460	0.4200	2.3811
Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4639	2.1554
Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
Pankreas	0.0246	0.0055	4.4569	0.2244
Penis	0.0449	0.0267	1.6846	0.5936
Prostata	0.0167	0.0383	0.4350	2.2987
Uterus	0.0231	0.0214	1.0831	0.9233
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0357			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0247
Gehirn	0.0375
Haematopoetisch	0.0118
Herz-Blutgefaesse	0.0204
Lunge	0.0296
Niere	0.0185
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0093
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0078
Lunge	0.0082
Nerven	0.0100
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0139	0.0281	0.4959	2.0163
Brust	0.0080	0.0414	0.1931	5.1778
Eierstock	0.0122	0.0260	0.4674	2.1393
Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0354	0.7728	1.2940
Gastrointestinal	0.0252	0.0333	0.7561	1.3226
Gehirn	0.0237	0.0175	1.3547	0.7382
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0149	0.1693	0.0881	11.3508
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477	0.8713
Herz	0.0381	0.0412	0.9249	1.0812
Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0174	0.0615	0.2836	3.5259
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0383	0.2520	3.9685
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
Niere	0.0208	0.0548	0.3799	2.6323
Pankreas	0.0284	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0180	0.1066	0.1685	5.9360
Prostata	0.0119	0.0213	0.5593	1.7879
Uterus	0.0116	0.0285	0.4061	2.4622
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0374			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0216
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0245
Lunge	0.0259
Niere	0.0062
Prostata	0.0748
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0205
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0233
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0615
Hoden	0.0078
Lunge	0.0164
Nerven	0.0181
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0387

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
Brust	0.0053	0.0218	0.2446	4.0878
Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0297	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0324	0.0189	1.7118	0.5842
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0357	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0208	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0145			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0148
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0000
Lunge	0.0246
Nerven	0.0020
Prostata	0.0256
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
Lunge	0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0182			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0340
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0656
Nerven	0.0030
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0387

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
Brust	0.0160	0.0545	0.2936	3.4065
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9744
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0218			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0070
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
Brust	0.0093	0.0283	0.3293	3.0366
Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
Herz	0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
Lunge	0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
Uterus	0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0534			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0308
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0370
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock-Uterus	0.0114
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0099
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0285
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0110
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Brust	0.0080	0.0261	0.3058	3.2702
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465	2.2395
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953	1.0047
Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0125	0.0165	0.7524	1.3290
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9680
Prostata	0.0524	0.0341	1.5381	0.6501
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0092
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0259
Niere	0.0247
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0183
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0181
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0285
Haut-Muskel	0.0324
Hoden	0.0078
Lunge	0.0246
Nerven	0.0020
Prostata	0.0705

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0381	0.1435	6.9675
Gastrointestinal	0.0058	0.0143	0.4071	2.4562
Gehirn	0.0076	0.0066	1.1612	0.8612
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0187			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0118
Herz-Blutgefaesse	0.0123
Lunge	0.0185
Niere	0.0124
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0064
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0312
Lunge	0.0164
Nerven	0.0070
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
Eierstock	0.0030	0.0208	0.1461	6.8457
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0109	1.6745	0.5972
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0051	0.0099	0.5161	1.9377
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
Prostata	0.0191	0.0106	1.7898	0.5587
Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0118
Herz-Blutgefaesse	0.0245
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0456
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0078
Lunge	0.0164
Nerven	0.0050
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0436			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0247
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0205
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0052
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0321
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
Eierstock	0.0182	0.0078	2.3372	0.4279
Endokrines_Gewebe	0.0164	0.0245	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0213	0.0190	1.1196	0.8932
Gehirn	0.0144	0.0186	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0248	0.0065	3.8257	0.2614
Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0428	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0199	0.0165	1.2039	0.8306
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0119	0.0192	0.6215	1.6091
Uterus	0.0132	0.0142	0.9283	1.0772
Brust-Hyperplasie	0.0254			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0111
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0488
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0040
Prostata	0.0385
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0067	0.0261	0.2548	3.9243
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0042	0.0137	0.3083	3.2436
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0228
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
Brust	0.0093	0.0218	0.4281	2.3359
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0092
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0157
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0114
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0136	0.0048	2.8499	0.3509
Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0597	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
Lunge	0.0012	0.0095	0.1317	7.5943
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0143	0.0213	0.6712	1.4899
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0250
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0245
Lunge	0.0037
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0297
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0222
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0030
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
Eierstock	0.0152	0.0234	0.6492	1.5403
Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0327	0.4465	2.2395
Gastrointestinal	0.0291	0.0095	3.0535	0.3275
Gehirn	0.0203	0.0252	0.8078	1.2380
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0137	0.0118	1.1588	0.8630
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
Niere	0.0327	0.0411	0.7960	1.2563
Pankreas	0.0114	0.0221	0.5143	1.9446
Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0286	0.0234	1.2203	0.8195
Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
Brust-Hyperplasie	0.0145			
Duenndarm	0.0187			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0122			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0154
Gehirn	0.0313
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0368
Lunge	0.0111
Niere	0.0124
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0228
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0171
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0156
Lunge	0.0246
Nerven	0.0090
Prostata	0.0192
Sinnesorgane	0.0000

y

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
Gehirn	0.0102	0.0077	1.3270	0.7536
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0051
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0111
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0040
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419	4.1338
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0064	0.0412	0.1541	6.4872
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0250
Haematopoetisch	0.0197
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0185
Niere	0.0062
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0558

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0012
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0070
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0025	0.0307	0.0829	12.0569
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0071	0.0043	1.6779	0.5960
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0226			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0197
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0030
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
Brust	0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
Eierstock	0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
Gehirn	0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
Herz	0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0224	0.0165	1.3544	0.7383
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
Pankreas	0.0114	0.0387	0.2939	3.4030
Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
Prostata	0.0214	0.0128	1.6779	0.5960
Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0305			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.1537
Gastrointenstinal	0.0401
Gehirn	0.1126
Haematopoetisch	0.0472
Herz-Blutgefaesse	0.0164
Lunge	0.0481
Niere	0.0247
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.1954

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0544
Eierstock-Uterus	0.0320
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0636
Gastrointestinal	0.0610
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.1328
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0191
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878
Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349	2.9861
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
Gehirn	0.0263	0.0110	2.3997	0.4167
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0064	0.0275	0.2312	4.3248
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0112	0.0047	2.3702	0.4219
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0047
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0227
Hoden	0.0000
Lunge	0.0246
Nerven	0.0231
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
Brust-Hyperplasie	0.0145			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0124
Prostata	0.0748
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0070
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0356
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0010
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178	0.9825
Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0037	0.0095	0.3950	2.5314
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
Niere	0.0149	0.0068	2.1708	0.4607
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0111
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0453
Hoden	0.0078
Lunge	0.0000
Nerven	0.0100
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0051	0.0011	4.6446	0.2153
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0114
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750	3.6368
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125	1.4035
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
Lunge	0.0535	0.0473	1.1324	0.8831
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819	1.1339
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570	0.4861
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0249			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0154
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0067	0.0131	0.5096	1.9621
Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0124
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0131
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
Brust	0.0053	0.0283	0.1882	5.3141
Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569	0.8644
Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612	0.8612
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
Herz	0.0127	0.0137	0.9249	1.0812
Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0133	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8081
Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0111
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0274
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0204
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0421
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0151
Prostata	0.0256
Sinnesorgane	0.0542

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
Gehirn	0.0076	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0087	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0117
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0070
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0218	0.1835	5.4504
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375
Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0228
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0053	0.0109	0.4893	2.0439
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0340
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0146
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0181
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0093	0.0196	0.4757	2.1023
Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582	0.6418
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0110	0.0131	0.8386	1.1924
Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
Pankreas	0.0133	0.0055	2.3999	0.4167
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0092
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0296
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0210
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0131
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
Brust	0.0027	0.0153	0.1747	5.7229
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7798	0.2646
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0074
Niere	0.0247
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0017
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0020
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0047	0.0000	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0023
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0023
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0118
Herz-Blutgefaesse	0.0164
Lunge	0.0148
Niere	0.0062
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0137
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0187
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0194
Hoden	0.0156
Lunge	0.0000
Nerven	0.0131
Prostata	0.0321
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0153	0.2621	3.8153
Eierstock	0.0091	0.0286	0.3187	3.1376
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0327	0.5582	1.7916
Gastrointestinal	0.0155	0.0095	1.6285	0.6141
Gehirn	0.0127	0.0099	1.2902	0.7751
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0265	0.0275	0.9634	1.0380
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
Lunge	0.0149	0.0260	0.5746	1.7403
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
Niere	0.0208	0.0342	0.6078	1.6452
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0236
Herz-Blutgefaesse	0.0286
Lunge	0.0074
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0279

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0114
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0210
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0421
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0050
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
Brust	0.0013	0.0065	0.2039	4.9053
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0064
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0040
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614
Eierstock	0.0213	0.0234	0.9089	1.1002
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0518	0.3525	2.8368
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
Gehirn	0.0136	0.0120	1.1260	0.8881
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0428	0.0117	3.6565	0.2735
Lunge	0.0137	0.0142	0.9656	1.0356
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0017	0.0600	0.0286	35.0255
Niere	0.0178	0.0479	0.3721	2.6872
Pankreas	0.0170	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0383	0.1864	5.3637
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
Brust-Hyperplasie	0.0218			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0154
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0164
Lunge	0.0037
Niere	0.0185
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0434
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0210
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0972
Hoden	0.0468
Lunge	0.0082
Nerven	0.0151
Prostata	0.0321
Sinnesorgane	0.0310

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
Brust	0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
Magen-Speiseroehre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0307
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0236
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0748
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0205
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0128
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0078
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843
Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903	5.2538
Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0050
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
Brust	0.0080	0.0218	0.3669	2.7252
Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
Pankreas	0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0123
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0118
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0111
Niere	0.0309
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0274
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0099
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0228
Haut-Muskel	0.0324
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0131
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
Brust	0.0067	0.0153	0.4368	2.2892
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0136	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500	1.0527
Gehirn	0.0144	0.0088	1.6450	0.6079
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0042	0.0137	0.3083	3.2436
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0062	0.0095	0.6584	1.5189
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0997	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5076
Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571	1.1667
Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0218			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0171
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0078
Lunge	0.0082
Nerven	0.0080
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0320
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0367
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878
Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0050
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0173	0.0523	0.3313	3.0187
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0066	0.0285	0.2321	4.3088
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871	2.5836
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0037
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0160
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0031
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0128
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0162
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0020
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0080	0.0153	0.5242	1.9076
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023	1.9907
Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257	3.0703
Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635	1.5071
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534	0.9493
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547	6.4632
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0074
Niere	0.0185
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0140

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0087
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0156
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0697

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0000	0.0109	0.0000	undef
Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0092
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0082
Lunge	0.0000
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0046	0.0665	0.0699	14.2976
Brust	0.0080	0.0436	0.1835	5.4504
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597	3.8507
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0213	0.0571	0.3732	2.6795
Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0087	0.0142	0.6145	1.6273
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0119	0.0205	0.5789	1.7275
Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800	2.0835
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0119	0.0106	1.1186	0.8939
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0343			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0092
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0476
Eierstock-Uterus	0.0274
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0052
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0000
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0053	0.0174	0.3058	3.2702
Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0154
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0041
Lunge	0.0000
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0156
Lunge	0.0082
Nerven	0.0040
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0052
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0410
Nerven	0.0000
Prostata	0.0449
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
Brust	0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0786	0.0554	1.4198	0.7043
Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.1011			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0062
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0037
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0078
Lunge	0.0082
Nerven	0.0030
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181
Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143
Brust	0.0114	0.0225	0.5088	1.9654
Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
Duenndarm	0.0192	0.0107	1.8036	0.5545
Eierstock	0.0089	0.0095	0.9333	1.0715
Endokrines_Gewebe	0.0209	0.0337	0.6195	1.6143
Gehirn	0.0203	0.0170	1.1947	0.8371
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0186	0.0254	0.7324	1.3653
Herz	0.0183	0.0137	1.3291	0.7524
Hoden	0.0241	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0146	0.0166	0.8770	1.1402
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0128	2.2671	0.4411
Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278	1.0778
Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4570
Prostata	0.0217	0.0169	1.2801	0.7812
T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0163	0.0230	0.7068	1.4148
Weisse_Blutkoerperchen	0.0267	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0080			
Penis	0.0161			
Samenblase	0.0281			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0111
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0107
Lunge	0.0108
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Placenta	0.0303
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0253
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0070
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0227
Hoden_n	0.0042
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0090
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0203
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181
Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686
T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0040			
Penis	0.0000			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0293
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0020
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0068
Prostata_n	0.0243
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
Duenndarm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
Eierstock	0.0030	0.0119	0.2489	4.0182
Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0071	0.6790	1.4727
Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
Lunge	0.0010	0.0055	0.1754	5.7011
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0148	0.5799	1.7246
Niere	0.0112	0.0193	0.5803	1.7232
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
Uterus	0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0080			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0235			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0125
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0100
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0068
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0250	0.0136	1.8395	0.5436
Blase	0.0078	0.0070	1.1063	0.9039
Brust	0.0097	0.0211	0.4592	2.1776
Dickdarm	0.0192	0.0057	3.3639	0.2973
Duenndarm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
Eierstock	0.0178	0.0143	1.2443	0.8036
Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0177	0.2716	3.6818
Gehirn	0.0191	0.0269	0.7092	1.4100
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
Herz	0.0233	0.0275	0.8491	1.1777
Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0156	0.0129	1.2028	0.8314
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0192	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
Niere	0.0090	0.0096	0.9285	1.0770
Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6798
Prostata	0.0057	0.0091	0.6202	1.6125
T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0246	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0094			
Penis	0.0107			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.1253
Gastrointenstinal	0.0305
Gehirn	0.0938
Haematopoetisch	0.0275
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0142
Lunge	0.0325
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0185
Placenta	0.0242
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.1255

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0816
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0354
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0741
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.1458
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0191
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0248
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0155
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0026	0.0141	0.1879	5.3230
Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000			
Penis	0.0054			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0071
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0257
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0010
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0023
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0119	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835	2.0680
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0097	0.0074	1.3155	0.7601
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0057	0.0000	undef	0.0000
T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
Haematopoetisch	0.0027			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0235			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0083
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0217
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0185
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden_n	0.0042
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0050
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0000
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
Brust	0.0035	0.0197	0.1789	5.5892
Dickdarm	0.0096	0.0085	1.1213	0.8918
Duenndarm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0124	0.6467	1.5464
Gehirn	0.0058	0.0010	5.8026	0.1723
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0201	0.0118	1.6964	0.5895
Lunge	0.0010	0.0074	0.1316	7.6015
Magen-Speiseroehre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0051	0.0074	0.6958	1.4371
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
Haematopoetisch	0.0040			
Penis	0.0134			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0278
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0118
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0142
Lunge	0.0108
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0124
Placenta	0.0061
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0185
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0194
Hoden_n	0.0125
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0141
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0135
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0077
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0000	0.0188	0.0000	undef
Brust	0.0026	0.0056	0.4697	2.1292
Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0017	0.0030	0.5803	1.7234
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0051	0.0137	0.3692	2.7086
Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0049	0.0129	0.3759	2.6605
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6855
Prostata	0.0000	0.0013	0.0000	undef
T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0148	0.0046	3.2128	0.3113
Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0053			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0118
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Placenta	0.0242
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0151
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0259
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0090
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0135
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
Brust	0.0106	0.0141	0.7515	1.3308
Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0208	0.0215	0.9678	1.0333
Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0408	0.4724	2.1170
Gehirn	0.0087	0.0110	0.7913	1.2638
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0361	0.0118	3.0535	0.3275
Lunge	0.0117	0.0185	0.6315	1.5836
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0017	0.0369	0.0464	21.5570
Niere	0.0201	0.0337	0.5969	1.6754
Pankreas	0.0149	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0132	0.0247	0.5331	1.8758
T_Lymphom	0.0177	0.0299	0.5917	1.6900
Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0094			
Penis	0.0161			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0353			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0167
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0142
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0185
Placenta	0.0061
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0203
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0209
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0972
Hoden_n	0.0251
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0151
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0450
Prostata_n	0.0303
Sinnesorgane	0.0310
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0156	0.0070	2.2127	0.4519
Brust	0.0088	0.0155	0.5693	1.7566
Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0041	0.0209	0.1934	5.1701
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
Lunge	0.0146	0.0055	2.6311	0.3801
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0148	0.3479	2.8743
Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Uterus	0.0163	0.0276	0.5890	1.6977
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0053			
Penis	0.0107			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0118
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Placenta	0.0061
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0257
Haut-Muskel	0.0194
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0098
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0060
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0068
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0407	0.1226	8.1542
Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
Brust	0.0097	0.0098	0.9840	1.0162
Dickdarm	0.0077	0.0171	0.4485	2.2295
Duenndarm	0.0055	0.0107	0.5153	1.9406
Eierstock	0.0089	0.0072	1.2443	0.8036
Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
Gehirn	0.0075	0.0090	0.8382	1.1931
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0066	0.0013	5.0646	0.1974
T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
Uterus	0.0044	0.0230	0.1928	5.1876
Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0147			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0247
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0203
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0087
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0257
Haut-Muskel	0.0097
Hoden_n	0.0209
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0030
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0090
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0774
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155	0.9848
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0186	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0040			
Penis	0.0080			
Samenblase	0.0070			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0111
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0071
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden_n	0.0000
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0020
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0045
Prostata_n	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Duenndarm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
Prostata	0.0848	0.0651	1.3023	0.7679
T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0027			
Penis	0.0027			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0507
Niere	0.0000
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0104
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0097
Hoden_n	0.0084
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0000
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0050
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0000
Prostata_n	0.0546
Sinnesorgane	0.0000
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 201

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Brust	0.0027	0.0305	0.0874	11.4458
Eierstock	0.0030	0.0833	0.0365	27.3828
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0109	0.1674	5.9721
Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
Gehirn	0.0576	0.0548	1.0528	0.9499
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0099	0.1693	0.0587	17.0262
Hepatisch	0.0446	0.1812	0.2459	4.0660
Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
Hoden	0.0000	0.1052	0.0000	undef
Lunge	0.0087	0.0851	0.1024	9.7640
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0274	0.2820	0.0972	10.2887
Niere	0.3448	0.4245	0.8123	1.2311
Pankreas	0.1268	0.0387	3.2814	0.3047
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
Uterus	0.0033	0.0427	0.0774	12.9263
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1958			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0922
Gastrointenstinal	0.0247
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Herz-Blutgefaesse	0.0123
Lunge	0.0037
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.1815

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0134
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0231
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0310

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 202

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0792	0.0000	undef
Brust	0.0040	0.0261	0.1529	6.5404
Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843	1.7114
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
Gastrointestinal	0.0174	0.0143	1.2214	0.8187
Gehirn	0.0000	0.0044	0.0000	undef
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0198	0.0647	0.3061	3.2673
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0224	0.0118	1.8962	0.5274
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
Pankreas	0.0019	0.0331	0.0571	17.5010
Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3560
Prostata	0.0095	0.0064	1.4915	0.6705
Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0092
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0259
Niere	0.0062
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0068
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0274
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0410
Nerven	0.0000
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0000

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.
Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid--Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_ form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de) bestimmt.
Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (http://www.genomesystems.com) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; http://www.tree.caltech.edu/;. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

Brust Tumor

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5
7	241/D/11				
9	13/M/23	102/H/20	210/O/17	278/B/10	278/B/20
10	319/P/11	492/J/15			
23	565/E/8				
25	38/D/4	60/B/17	70/K/14		
39	425/C/18				
42	221/L/9	407/M/9			
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20	
45	557/D/15				
58	222/C/8	431/O/16			

TABELLE I

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
2	im Brusttumor überexprimiert	Ein 17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	1p36.31-p36.32	stSG29288 (D1S243-D1S468)
3	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.		1845	19q13.2	SHGC-11892 (SHGC-5919-D19S1071)
4	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavanging-System", das Proteinase-Aktivität abfängt.		1499	4p16.3	D4S412-D4S2925
5	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305-D1S635)
6	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 (LAMB2) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.		909	19p13.3	D19S886-D19S216

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.		930	1p36.23-p36.31	D1S253-D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin-Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	989	unbekannt	unbekannt
9	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590-SHGC-5722)
11	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsolin"	1365	2p11.2-2p12	D2S289-D2S388
12	im Brusttumor überexprimiert	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.		1597	18q12.2-q12.3	WI-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase (ILK)" steuert den Zusammenabau der Fibrinection-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x"pkinase"	1780	11p15.3-15.5	D11S1318-D11S1338

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
14	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	"histone" ; "Arch_histone"	892	6p21.2-p22.3	D6276-D6S439
15	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"); es spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel.	"ER"	992	14q22.3-q24.1	D14S63-D14S251 (SHGC-33845-SHGC-36869)
16	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Tim23 ist im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert.		1196	10p15.1-q11.23	stSG1413 ;D10S604-D10S220
17	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich ein neues Ca2+-bindendes Protein.	"S_100"	1105	unbekannt	unbekannt
18	im Brusttumor überexprimiert	Ein neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zu Maus "synaptosomal associated protein".		2006	7p12.1	D7S499-D7S2429
19	im Brusttumor überexprimiert	Das humane ITF ("intestinal trefoil factor").	"trefoil"	834	21q22.3	D21S1887 (D21S1259-D21S1260)
20	im Brusttumor überexprimiert	Der humane RNA polymerase II Transkriptionsfaktor.	"UBIQUITIN_2"	765	unbekannt	unbekannt
21	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		779	unbekannt	unbekannt
22	im Brusttumor überexprimiert	Die humane JAK1 Tyrosinkinase.	"pkinase"	2327	1p31.1-p32.1	T29761 (D1S203-D1S2865)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
23	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		911	4p11	SHGC4-959 (D4S774-SHGC4-1002)
24	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		595	unbekannt	unbekannt
25	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		886	18q23	SHGC-30832 (SHGC-32075-SHGC-17251)
27	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1684	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260-D21S261)
29	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül.	"ribonuclease_T2"	1249	6q26-q27	D6S264-D6S1697
30	im Brusttumor überexprimiert	Das humane 80K-L Protein (auch MARCKS), ein Substrat der Protein-Kinase C. MARCKS bindet Calmodulin, Actin und Synapsin.		3070	6q21	SHGC-13147 (SHGC-31123-AFM059xh8)
31	im Brusttumor überexprimiert	Das humane BCL-X, ein Apoptosis-Regulator.		2751	1p21.1	SHGC-32538; D1S2865-D1S418

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
33	im Brusttumor überexprimiert	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	22q13.33	PC106 (SHGC-7735-PH130)
35	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Ubiquinon Oxidoreduktase.		693	5p13.1-q11.2	sts-H45672 (D5S628-D5S474)
36	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört.		1054	unbekannt	unbekannt
37	im Brusttumor überexprimiert	Der Monocyte/Macrophagen "Ig-related receptor MIR-7".		541	12q14.2-q14.3	SHGC-33073 (SHGC-35867-D12S1722)
38	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1187	unbekannt	unbekannt
39	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue putative Serin-/Threoninkinase.	"pkinase"; "pkinase_C"	2281	6q22.33	WI-13202
40	im Brusttumor überexprimiert	Das putatives Kupfer-Aufnahme Protein hCTR2.		1759	9q31.3-q32	WI-11879
41	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Alpha Galaktosidase A.		1447	Xq22.2-q23	DXS1231-DXS1059
42	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		831	1q32.1-1q32.2	AFMa082wf9 (SHGC-12033-AFM224xc1)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.		528	17q21.33	SHGC-31935 (NIB1385-SHGC-30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7TM-Protein		1027	22q13.33	AFMb040xd1 (SHGC-11380-AFMa151xe9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Phosphatase 2A B56 (PP2A).		2160	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb6-AFM156xg7)
46	im Brusttumor überexprimiert	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin; Hs.24930; Homo sapiens cofactor A protein mRNA		642	unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1q32.1	sts-F17262 (D1S2622-D1S306)
48	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog einer ATP-abhängigen RNA-Helicase.	"HELICASE"	2949	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC-13473-AFMb021zd1)
49	im Brusttumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851		665	unbekannt	unbekannt

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
50	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	5p15.31-15.33	D5S426-D5S455
51	im Brusttumor überexprimiert	neue humane ATPase		1239	9q32	ATC7 (SHGC-8827-SHGC-14379)
52	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.10927		966	19p13.3-p13.2	stSG8216 (pTEL-D19S413)
53	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zum NAG-2 Gen; Hs.26518	"transmembrane4"	556	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318-D11S909)
54	im Brusttumor überexprimiert	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM_BIND"	1349	19q13.13-q13.33	D66904 (D19S425-D19S418)
55	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.5241		2021	17q11.2-17q12	sts-F18808 (D17S933-D17S800)
56	im Brusttumor überexprimiert	Stromelysin	"hemopexin"	900	22q11.23-q12.1	D22S446-D22S419 (SHGC-2886-SHGC-33862)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
57	im Brusttumor überexprimiert	humanes GTP bindendes Protein		1212	Yp11.3 bzw. Xp22.33-xp22.32	SHGC-5419 alias DXYS153 (DYS290-DXYS136)
58	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	"Uteroglobin"	494	11p11.2-q13.1	GATA8A08-SHGC-31731
59	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"Ribosomal_L21p"	729	12q14.1	D12S335
61	im Brusttumor überexprimiert	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	2x "IMPDH"	1315	14q11.1-q11.2	SHGC-11217 (SHGC-31972-AFM084ya1)
62	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"NLS_BP"	2011	16q12.1	SHGC-34581 (D16S3363 E-D16S3334)
63	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2009	1p21.1	SHGC-32788
64	im Brusttumor überexprimiert	Ets Transkriptionsfaktor	"Ets"	2269	1q32.2	unbekannt
65	im Brusttumor überexprimiert	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette		1874	Xq23	SHGC-37555

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
66	im Brusttumor überexprimiert	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor		687	1q21.2-q21.3	D1S305-D1S2635
67	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	unbekannt	unbekannt
149	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	4p16.3	D4S412-D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590-SHGC-5722)
151	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	18q23	SHGC-30832 (SHGC-32075-SHGC-17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		2589	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260-D21S261)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2963	22q13.33	AFMb040xd1(SHGC-11380-AFMa151xe9)
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	1q32.2-q32.3	WI-7329 (AFM203zb6-AFM156xg7)
155	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC-13473-AFMb021zd1)
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		2407	5p15.31-15.33	D5S426-D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		1625	9q32	ATC7 (SHGC-8827-SHGC-14379)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
158	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318-D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	16q12.1	SHGC-34581 (D16S3363 E-D16S3334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	1p21.1	SHGC-32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	unbekannt	unbekannt
201	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	1712	4q21.23-q22.1	D4S1542
202	im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	2p23.1-23.2	D2S387 (D2S171-D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF´s) Seq. ID. No				
3	71				
9	72	73	74	75	76
14	77				
16	78				
17	79				
18	81				
19	82				
20	83				
21	84	85	86	87	
23	88	89			
24	90				
25	91				
27	92	93			
29	94				
31	95	96	97	98	
33	99	100			
35	101				
36	102				
38	103				
39	104				
40	105				
41	106				
42	107				
43	108	109	110		
44	111	112	113		
46	114				
47	115	116			
48	117				
49	118	119			
50	120				
51	121				
52	123				
53	126				
54	128				
55	129	130	131	132	133
56	134	135			
57	136				
58	137				
59	138	139			
61	140				
62	141				
63	142	143	144		
64	145				
66	146				
67	147				
149	162	163	164		

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF´s) Seq. ID. No		
150	165	166	167
151	168		
152	172		
153	174		
154	177	178	179
155	180		
156	183	184	185
157	187		
158	190		
159	192	193	194
160	195	196	197
161	198		

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1672
(H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 143

(iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 670 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```
atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca  60
gtacaggagc tcgtgccgtg gcccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga 120
cggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt 180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttccag cagcgtctgg 240
ctgtccaccc gagcggtgtg gcgctgcagg acagggtccc ccttgccagc cagggcctgg 300
gccccggcag cacggtcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg 360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc 420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct 480
tcgaggggaa gcccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga 540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct 600
aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga 660
gaaaaaaaaa                                                       670
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1845 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```
ggtgccgtca cgggacagag cagtcggtga caggacagag cagtcggtga cgggacacag  60
tggttggtga cgggacagag cggtcggtga cagcctcaag ggcttcagca ccgcgcccat 120
ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctggt ggagaagcag 180
acatggactt cctgcggaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
gtctgctgga cgagctgacc ttggaagggg tggcccggta catgcagagc gaacgctgtc 300
gcagagtcat ctgtttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
gctctccatc caccggcctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc tacccagagg 420
ccatctttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaacc cttcttcgcc ctcgccaagg 480
aactctatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
ggctggaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660
```

```
ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
gacgcccaag tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttcctgaagg tggacctcct 840
cctggtcatg ggtacctcct tgcaggtgca gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
cctctccacc cctcgcctgc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg acccttttcct 960
ggggatgatt atgggcctcg gaggaggcat ggactttgac tccaagaagg cctacaggga1020
cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccaggg ctgcctggcc cttgctgagc tccttggatg1080
gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg1140
ggcgggggtc cccaacccca gcacttcagc ttcccccaag aagtccccgc cacctgccaa1200
ggacgaggcc aggacaacag agagggagaa accccagtga cagctgcatc tcccaggcgg1260
gatgccgagc tcctcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggcccctt cttaaccagc1320
agttcttgtc tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct ccccaaaact1380
ggggtcccag caaccctggc ccccaacccc agcaaatctc taacacctcc tagaggccaa1440
ggcttaaaca ggcatctcta ccagccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta1500
acctccctca tctctaactg cccccacggg gccagggcta ccccagaact tttaactctt1560
ccaggacagg gagcttcggg cccccactct gtctcctgcc cccgggggcc tgtggctaag1620
taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggcctc tgaatctaac ccacacccag1680
cgtaggggga gtctgagccg ggagggctcc cgagtctctg ccttcagctc ccaaagtggg1740
tggtgggccc ccttcacgtg ggacccactt cccatgctgg atgggcagaa gacattgctt1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa                1845
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```
cggctcgagg gcgccgcgga gggtcaggtc gtttctgcgc gggctcccgg cgctgctact  60
gctgctgctc ttcctcgggc cctggcccgc tgcgagccac ggcggcaagt actcgcggga 120
gaagaaccag cccaagccgt ccccgaaacg cgagtccgga gaggagttcc gcatggagaa 180
gttgaaccag ctgtgggaga aggcccagcg actgcatctt cctcccgtga ggctggccga 240
gctccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaga aactaaagct 300
tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360
cttggccaag tatggtctgg acggaaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420
```

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga ccccaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480
gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540
tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600
aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgac atcaagggca gcgtcctgca 660
cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccagggcc tggaccgcct 720
gcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccagggtgat 780
tgacctgtgg gacctggcgc agtccgccaa cctcacggac aaggagctgg aggcgttccg 840
ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaagcagct 900
ggagattgcg cacgagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgacggcg agcgtgtgag 960
ccgcagccgc gagaagcacg ccctgctgga ggggcggacc aaggagctgg gctacacggt1020
gaagaagcat ctgcaggacc tgtccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg1080
aaggcattgg ggagcccagc ccggcaggga agaggccagc gtgaaggacc tgggctcttg1140
gccgtggcat ttccgtggac agcccgccgt cagggtggct ggggctggca cgggtgtcga1200
ggcaggaagg attgtttctg gtgactgcag ccgctgccgt cgcgacacag ggcttggtgg1260
tggtagcatt tgggtctgag atcggcccag ctctgactga aggggcttgg cttccactca1320
gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcaggtct1380
gatagtcctc tgctaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgga1440
aataccatgc acagagtcct taaaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaa 1499

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 688 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

gggccaagtg ccccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540

```
tctacccaac cagggccccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca ataaaagtct cttcctccaa gtcagtgctc tgtgtgcttc ttccagctcc 660
tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg                                    688
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 909 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

```
tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccggttga ctttgcggac  60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tatagggaaa cctgggggct ccctggacaa 240
ctccgagcag aagtgcatcg ccatgtgcat ggaccgctac atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca tttccataaa cgtgctttga gaggcggggt ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccggggctt aggagggtgg caccggtgct gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgccctgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540
gccctgtgcc ttcctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttcccctagt gtgcccaagt cagcctcata ttctgggcgg acagcttgtc tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctcct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccctggaacc ccagctcgga gggtctcagc ctcccctggg ttgggagaag 840
tccatctttc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
acccctgcc                                                        909
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 930 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```
tgaggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggctga gggaggccgg acggcgcgcg  60
tgcgtgctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaacat ataacataaa 120
aatggcttcc aaaagagctc tggtcatcct ggctaaagga gcagaggaaa tggagacggt 180
catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggtc accgttgcag gcctggctgg 240
aaaagaccca gtacagtgta gccgtgatgt ggtcatttgt cctgatgcca gccttgaaga 300
tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
cctgatagcc gccatctgtg caggtcctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg ggcctgggac 600
cagcttcgag tttgcgcttg caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggctca 660
agtgaaggct ccacttgttc ttaaagacta gagcagcgaa ctgcgacgat cacttagaga 720
aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
atgtgttcag aagtcgctgt ccttactact tttgcggaag tatggaagtc acaactacac 840
agagatttct cagcctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttgttt gcagaataaa 900
cagggcattt agcaaactaa aaaaaaaaaa                                  930
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 989 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```
cgcgcgggcg tcgtgcacgc ggttgtagct gcccggcggc ggcagaagcg gcgctcgcgc  60
caagggacgt gtttctgcgc tcgcgtggtc atggaggcgc tgccgctgct agccgcgaca 120
actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgctactgct gttcctgctg 180
ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240
tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac ccgggagagg catcccgggt atcggtcgcc 300
gaccactccc tgcacctaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540
gattcacagt ttacccattt ggcctggatt aataccccctc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaaggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttcct gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat cccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattaccaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaa                                    989
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```
aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg  60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcca cataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120
tgcgcctaat cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt cttccttgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaatttgag cctggagctt ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttcact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgtcgctacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgagtt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctaccta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaggg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggtta caaagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960
gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattta1020
tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact taaatcgaag ttgaactttt ttttttttt1080
aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gagggaggac agggagagaa aataccatgc1140
ataaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt1200
gtctattggt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgcac ttattacaat1260
gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaa1380
acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440
attttacata ttttttaaat cttctgacta atgctaaaac gtaatctaat taaatttcat1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact1560
ctatagtttc tataatttat tttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgta1620
aactttgtgg cttttggtct gtgatgcttg gtctcaaagg aaaaaataag atggtaaatg1680
ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaacaa taaaagttaa ttttagagta1740
gttttatatt aattaccaaa ctttttcaaa acaaattctt acgtcaaata tctgggaagt1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagttttaaa aggctttctc ttcatacttt1920
tgaaaaattt cttctatgat tacagtagct atgtacatgt gtacatctat ttttcccaag1980
caatatgttt tgggtttaga gtctgagtga tgaccaa                          2017
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```
ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag  60
catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccggtgcct gtggcgcaag agaaccaggg 180
cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
tctgcacctg tggataggcc agcagtcatc ccgggatgag caggggggcct gtgccgtgct 300
ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggt 420
gtggagtcag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
aacactgggg actgcttcat cctggacctg ggccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
atccaggtcc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
gctgacaagg caaatgccca ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatatctgat 900
gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctcgcgcatg1020
cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctcccctgc1140
cccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgcagagg tgccccctgc1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgctttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgccctgg1260
gctgattctc actgtcaccc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc                1365
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1597 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```
accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatggtgat  60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtggtttaa gtacttctgt tgctgtgttc tgtcatgagt tgcctcatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gttaagcagg ctgtccttta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tggaatggca acaggaattt tcattggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctggtt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taaggtttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcatagggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt gggttttgtg atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtacgt tttaatattt aagttattct atcttggaga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaata ccaagaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaatctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaat cacaaaattt1020
gttgtaaatt agaggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtatagag1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta tttcccgtaa aaacgtagtg aggcactttt1140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaaatgt tcgtgcgggt1260
atataccaga tgagtacagt gagtagtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaagt1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctggtta cctggtttac aaaattatca1380
gagtagtaaa actttgatat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtgc tatcattgtg agcaattgtc1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt1560
ttttacacaa taaattcctt atatcagctt gaaaaaa                          1597
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```
cgggcgcggc cggacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccgagt cccgaggata  60
aagcttgggg ttcatcctcc ttccctggag cccgagtccc gtcctcaggc ttccccaatc 120
caggggactc ggcgccggga cgctgctatg gacgacattt tcactcagtg ccgggagggc 180
aacgcagtcg ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctcaa ccaggggggac 240
gatcatggct tctcccccct gcactgggcc tgccgagagg gccgctctgc tgtggttgag 300
atgttgatca tgcgggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga cacccccctg 360
catctggcag ccagtcatgg acaccgtgat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420
gacatcaatg cagtgaatga acacgggaat gtgcccctgc actatgcctg tttttggggc 480
caagatcaag tggcagagga cctggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtaacaag 540
tatggagaga tgcctgtgga caaagccaag gcacccctga gagagcttct ccgagagcgg 600
gcagagaaga tgggccagaa tctcaaccgt attccataca aggacacatt ctggaagggg 660
accacccgca ctcggccccg aaatggaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaaa 720
cagcttaact tcctgacgaa gctcaacgag aatcactctg gagagctatg gaagggccgc 780
tggcagggca atgacattgt cgtgaaggtg ctgaaggttc gagactggag tacaaggaag 840
agcagggact tcaatgaaga gtgtccccgg ctcaggattt tctcgcatcc aaatgtgctc 900
ccagtgctag gtgcctgcca gtctccacct gctcctcatc ctactctcat cacacactgg 960
atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag1020
agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaaggggca tggccttcct acacacacta1080
gagcccctca tcccacgaca tgcactcaat agccgtagtg taatgattga tgaggacatg1140
actgcccgaa ttagcatggc tgatgtcaag ttctctttcc aatgtcctgg tcgcatgtat1200
gcacctgcct gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc1260
tcagcagaca tgtggagttt tgcagtgctt ctgtgggaac tggtgacacg ggaggtaccc1320
tttgctgacc tctccaatat ggagattgga atgaaggtgg cattggaagg ccttgggcta1380
ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag1440
accctgcaaa gcgacccaaa tttgacatga ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca1500
agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagaggtgtc gggacatggt tgggggaatg1560
cacctcccca aagcagcagg cctctggttg cctcccccgc ctccagtcat ggtactaccc1620
cagccatggg gtccatcccc ttccccccatc cctaccactg tggccccaag aggggcgggc1680
tcagagcttt gtcacttgcc acatggtgtc tcccaacatg ggagggatca gccccgcctg1740
tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaa aaaggtgtgg                      1780
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 892 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```
aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca  60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag 120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg 240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca 300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg 360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg 420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tctctggaat ttcctgatat gaccaagaaa gcttcttatc aaaagaagca caattgcctt 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac 600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcattcaga ttccaaagag aatcatttac 660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca 720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct 780
gtaacccact ggggggttgg ggtaatattc tgtggtcctc agccctgtac cttaataaat 840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaag gagggaagaa ggaagaggat gc          892
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 992 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```
ctctcgcgag gattggctgt tagcggcgtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt  60
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag 120
```

```
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg 180
gaaggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtccctct 240
atcacatatg acatcagtca gttgtttgat ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc 300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag 360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag 420
cactgggggg gttggggtgg gcttggaaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt 480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta 540
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc 600
tttctttttt ttttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtggtg tgtgggaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
ttcccacatc tatcagtggg gataatgcct ag                                992
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```
gggcgcccgg aaggtcagcg tgtgaagtag gcgctggcaa cgcggggtta cccgctgtta  60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcggga accactcggt 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
cggctttttc ggagccggcg gagcaggtta ctcgcacgcg gatttggctg gcgtcccgct 240
aactggtatg aacccctctgt ctccttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag tttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttctttacg attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatggtct 420
tcggctagga ttgaaggaaa cccagaacat ggcctggtcc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaat actctaggtt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacaggtg gtcttcgagg 660
```

gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcatctaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
ctttggtgac tcactgagta ccatggttct gttctcctct ggagatcttg cacgtatctg1020
ttttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggtcg tgcttgttag1080
tactatatca ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140
aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

ggcttaggcc cagcccctg cctcccctcc cttcccccag gtataagagc tgagctcagg 60
tgagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgat gtggagaggg 240
ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggagggtggg aaggagacgc 300
tgacccttc tgagctacgg gacctggtca cccagcagct gccccatctc atgccgagca 360
actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
tccgggggca ctgagaactc cctctggaat tcttgggggg tgttggggag agactgtggg 540
cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcctc 600
atctctgcaa agttcagctt ccttccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
gggagctcat gggtggagga gtctccacca gagggaggct caggggactg gttgggccag 720
ggatgaatat ttgagggata aaaattgtgt aagagccaaa gaattggtag taggggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgat ttgaataatg gagctgggaa tatggctgga 840
tatctggtac taaaaaaggg tctttaagaa cctacttcct aatctcttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttcct gcctccagct ctgccccagg ctcctcctag 960
actctgtccc tgggctaggg caggggagga gggagagcag ggttgggggа gaggctgagg1020

agagtgtgac atgtggggag aggaccagct gggtgcttgg gcattgacag aatgatggtt1080
gttttgtatc atttgattaa taaaa 1105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

tgcgagccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgct gcgcgcccgc ggaggcgctg 60
ggccggcggc ctcctgcagc gggcggcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tggtggggac 360
ttggaacacg tggtatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacgga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtg1080
ccttgtcgtc ctctttgaaa caccccgtgt tgtccagtat accttataac acttagccac1140
ttctccccac cctccagaag gggtccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt1440

```
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaatatttt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat acttttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac                                      2006
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 834 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgctgcc aaaacagtgg gggctgaact  60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggagggagag ccttccccaa gcaaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaacaa cggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt 240
cccggagccc acggtggtca tggctgccag agcgctctgc atgctggggc tggtcctggc 300
cttgctgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt 360
gccagccaag gacagggtgg actgcggcta cccccatgtc acccccaagg agtgcaacaa 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tggtgtttca agcccctgca 480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct 540
cggagcaccc ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcatctcag cttttctgtc 600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
aataaaggtc ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggttg 720
tgctttattt ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc 780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgca tgcaaggata tttt       834
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 765 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

```
cgggaacggg gcggacgcgg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg  60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacggtgt tcgaactgaa gcgcatcgtc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcatcgag ccgttttcca gcccgccaga gctgcccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
caagaggccc atttccccca ataaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tccctgggat gggtcccact ccctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgctgtcct gtctcccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggccca 600
gcctgctgct taaaggcacc atggggacct gggttgccct cagacccaag ccattgttag 660
cagctagcca gccacaccaa ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct                 765
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 779 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```
gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcggc tgcagcgggg  60
tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatggggc gcgcgcgcga cgccatcctg 120
gatgcgctgg agaacctgac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180
gtgccgctgc gcgagggcta cgggcgcatc ccgcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240
ttggacctca ccgacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300
gctaacgtgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360
caccagggct ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctcctcagtc ggcagccaag 420
ccaggcctgc actttataga ccagcaccgg gctgcgctta tcgcgagggt cacaaacgtt 480
gagtggctgc tggatgctct gtacgggaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540
cgggccgagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaagctct tcagtttcac accagcctgg 600
aactggacct gcaaggactt gctcctccag gccctaaggg agtcccagtc ctacctggtg 660
gaggacctgg agcggagctg aggctccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720
cccaccaaat catcctgaat ctgatctttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga  779
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```
cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattg tttcagaaaa  60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaagggac 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaatc tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggtatt aagctcatca tggaatttct 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420
gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctcggcaata 480
cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttgttgag agtgaacacc aagtgaaaat 540
tggagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaagga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgcctct gacgtctggt cttttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttgttcct gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgcctgccgt gcccacctaa 840
ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt ttaaaataag aagcatgaat 960
aacatttaaa ttccacagat tatcaagtcc ttctcctgca acaaatgccc aagtcatttt1020
ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcatactt1080
cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttcctctt1140
taaatttggt accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt1200
aagcactcct ccttgtggaa agaatatacc accatttcat ctggctagtt caccatcaca1260
actgcattac caaaagggga tttttgaaaa cgaggagttg accaaaataa tatctgaaga1320
tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg1440
cattcttaaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaaa atgactgtat1500
tctctcacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttcctttggg1560
tgatcactag cacccatttt tgagaaagct ggttctacat gggggggatag ctgtggaata1620
gataatttgc tgcatgttaa ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttcctaa1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgcttta1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag1860
ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gtttttacca tcaatcatca1920
ccctgtggtg caacacttga aagacccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgtttagt cattgattca2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta2100
gtattcgttt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagtg2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaaataaa tatactaaag2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaag ggggaag              2327
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 911 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```
ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttccct ccccgccccg cgccgcctct  60
ctggtttgtg cgcccgtcgc aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtt gcgcgggctg 120
acgcgccact atgtagcggg tttcgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgtagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgac aatgctggtg gcaacagggc agtgtagcag gtgcttcatg ttcacctttt 480
caacctttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgttagggac aggctgcccc 540
aggaccactc cgccccgct aactcaatgc agctgaccct taccctgaat actctgcagc 600
tgcattcctg aaccgttatc taggcgctat agcaaggtca ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacacccct tgtaaattcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaagccg gtcatgagat tatatgtggt aaagttaatt 780
gactaacaac cccagggtct ctctccccca tataaacccc tcattttgta agctcagggc 840
tgccacctcc gactggtgga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a                                                      911
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 595 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```
cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcggcgtc aaaggtgaag caggacatgc  60
ctccgccggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120
cgggctacag catgctggcc atagggattg gaaccctgat ctacgggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcatcgcgc 240
tgttgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300
tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgcccgactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
tccacacaac ccgctgggtg ccccccttga tcggggagct gtacgggctg cgcaccacag 420
aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgtggtacac gtaggccctg tgccctccgg 480
ccacctggat ccctgccccc ccccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaagggaga gagtgggccc ccgta       595
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 886 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```
ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga  60
cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtcacta 120
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
gtcacaagct acctaactaa gaagtttgct gaactacgca gccccaatga gttcaaggtg 240
tacatgggcc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
gggagaagag ccatgaagac agtttttggt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
agtattcccg tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
gtggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
gccaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaatcc tgccctcacc tcacccttt 600
ccaacttgcc cagggaagtg gaggttccct ctttcctttc cctcttgtca ggtcatccat 660
gactttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttgggc 720
ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagttctgg 840
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg                886
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```
ttaaaaaaaa aaccgcctgg tcttggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca  60
gttagccgtc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
ggttcaggcc cttaataaag tgtaattatg tattaccagc agggtgtttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac tttccaccct 240
gcccattttt gtaaaactgc agtcatcttg gacctttaa aacacaaatt ttaaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
gataatgctt tcttttccag tcgtctttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggttttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaat tttctgtgag cacactaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atttgttgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctaggtctta ggttaatttt 660
taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttatt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact atttaaatgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
ggtccagaaa caaattttaa actgagtgag agtctataga atccatactg cagatgggtc1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatggtgta ttacctgcta ttgtaattgc1080
ttagtgcttg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacaggtt1140
tatgtaacaa agtaatggtg ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt1200
ttaagcatcc tttttttttg aaagtgttga aagtgtgtta gcatcttgtt actcaaagga1260
taagacagac aataatactt cactgaatat taataatctt tactagttta cctcctctgc1320
tctttgccac ccgataactg gatatctttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc1440
agtgtgcagt ttagggttca tgataaatca ttgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgcca1500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cacgcattct taattggaat1560
aatggatcaa aaatagtggt tcatgacctt accaaacacc cttgctacta ataaaatcaa1620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttgga ggatgtttga1680
```

```
aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaagg actgatttat gggtctttcc tatcttaacc1740
aacgttttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgttagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tgttctttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggtattga tggagttggt ggattttcct1980
ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agttttgtac atcatgtttt2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcatttgat2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaa aaa       2273
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```
gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg  60
tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgctgtg ggtcgcgaac 120
agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggttt 240
aggccgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300
ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga ccctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgccgccc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960
```

```
gccttccacc aagccaggat gaggaagtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020
ctaagcaaga ccagcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
aggaagtctg gctggcaaat ggggccgccg agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gcccagtctt ctatccccca cctaaaaaga ccaagcattg atgcccaagt tttggaaata1200
ttctgtttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaa1260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttccccc ccatgcctgt gaattgggtg ttgtggtccc1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcggga ttgtttaggg ttttttctct gttaaactct1440
tcagtgcccg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacaggtggc accggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttccccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560
ggccctggga aggc                                                  1574
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```
ccggagtgta tttaatcggt tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc  60
ggtgtgtgtg ccgctgccgc gcgaccgccg agcctcgtca gcctgcgcag cccctcacag 120
gaggcccagc ccgagtgcag tccagaagcc cccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccgtt tgtttgttgg agtggtgcca 240
ggtactggtt ttggagaact tgtctacaac cagggattga ttttaaagat gtctttttt 300
attttacttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt ttttttctccc ctccccacag 360
atcccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
cttcttcctc tgccttgttt ctcttttatt ttttatttt tcgcatcagt attaatgttt 480
ttgcatactt tgcatcttta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
aatggggaaa ttgaagtggt gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatggtgt 660
aaaggctctt ttttttttt ttaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcaggt 720
ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaaa acaccaatac 780
ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840
tttcacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgattaa gtagaactac aagttgtata 900
```

ggctttattg tttattgctg gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960
gggtgttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaa1020
gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcatcttgg acctttaaa1080
acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaat ggttactgtt tatactgtgg1140
tatgtttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200
aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgtgt agcatcttgt ctatcatgtt ttgtaaatac1260
tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaattgc1320
tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa1380
atgtgaataa aatgtaaaaa attgttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcatgccat caggagtaaa ttttattgtg1500
gttcttaatc tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
aggaagatct tacaacattc catgtcaaat ctgttaccat ttattggcat ttagttttca1620
tttaagaatt gaacataatt atttttattg tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt1680
tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaa1740
gccattctct tgtcattcag gtccagaaac aaattttaaa ctgagtgaga gtctatagaa1800
tccatactgc agatgggtca tgaaatgtga ccaaatgtgt ttcaaaaatt gatggtgtat1860
tacctgctat tgtaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920
taccttaaga aaacaggttt atgtaacaaa gtaatggtgt tgaatggatg atgtcagttc1980
atgggccttt agcatagttt taagcatcct ttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
tcttgttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaatattaa taatctttac2100
tagtttacct cctctgctct ttgccacccg ataactggat atcttttcct tcaaaggacc2160
ctaaactgat tgaaatttaa gatatgtatc aaaaacatta tttcatttaa tgcacatctg2220
ttttgctgtt tttgagcagt gtgcagttta gggttcatga taaatcattg aaccacatgt2280
gtaacaactg aatgccaaat cttaaactca ttagaaaaat aacaaattag gttttgacac2340
gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacacccct2400
gctactaata aaatcaaata acacttagaa gggtatgtat ttttagttag ggtttcttga2460
tcttggagga tgtttgaaag ttaaaaattg aatttggtaa ccaaaggact gatttatggg2520
tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgcctggt2580
atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640
aaaatcctgt tagcaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
attaagatgc attatttga ttttattcac tgcctaaaac actttgggtg gtattgatgg2760
agttggtgga ttttcctcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
tttgtacatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggctttttg tattactaaa2880
aatagctttg agattaagga aaaataaata actcttgtac agttcagtat tgtctattaa2940
atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtggtt acaaaatact tcctctgggt3000
tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaat aaagttttac cagttgatat3060
aaaaaaaaaa 3070

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

tggggctgga gtgcactagt ctttttgctt ggtagttttg catggtttag ggttaaaaat 60
aattccgaag atacaccagc tcacaaatga aaacgtcagc ctctgcgcca ccctccctcc 120
tgcccaaagt gaatttggta ctcagaaaag aactgtttat accactcacc tttctcccag 180
catgtactca ctgtgggcag atgcaccaat acatggtaat cctcttactc attttaagac 240
gtaggaaact caatattctt ctctaaccat atacgatagg gctcttcgct tttaatgata 300
tctgggattt ctgtggaact tggcaaattt tcagagcacc ttcactcaca taatgtcatt 360
tgaacctcac aatgttcttg ggatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tgtgtgataa 420
gcagtgctgg ctggctgtct tcagaactct tggaaatctt tacacatgcg agtgctaacc 480
actttgagca aggctgcctt cttgtagatg acttgctgtt ctttatgaca gggatcagtg 540
gcatttgttt cctagcagta tttagcacct ttttgccacc ttggtgaaca gaaaattgta 600
ttttcctgtc tttcatggct gaaaacaaaa gtaatgggaa ttttaaatac gtttgcagaa 660
actgcccctc ccctcattga gggtcactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720
tgggtctccc tccccatcct ggtttccacc ccgggctggc tagctctgtt ggtttgaaga 780
ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tggctagtta gctttcttta tcaacctgct 840
cactcacaaa tgtgtgccct cagccagaga gtaagaaagc ccaaatctgt tacagcttct 900
aaaaaaatag atttctaatt tgtcctactc atgttaggag cattatcttt gaaggtaaaa 960
catagtgtat cattgtgtaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggag1020
gcttcagcaa tggaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtcc aaagtggtcc1080
gagttcttaa atccaggtag ggaactcact cttctttctt ctctggacct aattgggcat1140
tgggctttag tgagaccaca gaccaggccc gtctctcctg taggctttta attcaatggc1200
aactctattt caaagaataa aagcctttgg agagttgcgg cagttctggg ggcgggctca1260
ggagagtcca tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgcct ctgaatggac1320
ttcccacctc ctctctcttg ctctgatgct tgcctctggg cctctccatg cccaaggtgg1380
tctttcatcc ttgacaggct ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcgagtctg1440
taaaccagag ctggttctca tggccttcgt cacgatacca ggatacggag gggagcccag1500
ggccatccat acccacccca gggtaacggg gctggcctgg cattagtcat tatttagttt1560
ccaggccaac catccagata gagattccct ctttcctttg agcagtgctc tcaagagctc1620
cgtgcctgtc cacaatgacc tagagtgcat cctgctcatt gtcagtgtag cccctcgccc1680
ctatattcat ccaggatact tggaagtgct aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt1740
gctaccatct tccctgaagc aggaaaatga acatggactt aaatgttctt tgaaaaaacc1800
aaagttttaa gatttgctgt gtgatgaagt gacagggagg gccggagtca gcaggtgcca1860
gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc1920
tgccctagca gagcccaggc cttgccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt1980
tgatttcttg gttaggttgc attataataa caagagtcag aacattaatt cgaaacaact2040
tgcagtatgc atttcttcac accagtacat tcttaagtgt acttgtttat aaggaataac2100
ataaactaat ctgtaccttt atatatatgt gtgtgtacat atatacatat ataaactgta2160
tagtgtacat ggtaatgatt tattgctatg ccccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220
cgcatgccct cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg cccacctcct2280
gtgtttggac ctctagggag gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa2340
atgctcaggg tccccatgtg cctgttgttc agccctctct cttgttccct ttctgagcat2400
gtggtccttc cccaggctgt gggacagctg ccttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460
gatcattact gcatgtgccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccacgtca gttacacatt aaagccagac2580
cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttctttagca ttgtgtaaat2640
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggt aattttctgt atatttggaa tatttgggtt2700
aaaaataaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 890 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```
ggcggcgggg agggggggag cggatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca  60
gtgcccttcc cggagcgtgc cctcgccgct gagctcccct gaacagcagc tgcagcagcc 120
atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttcacgctgg cgcccagcct ggggtgcttc 180
gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctggt acgccggcct gcagaagccc 240
tcgtggcacc cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctcagccatg 300
gggtacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtggtt 360
cccctgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggccccc catcttcttt 420
ggtgcccgac aaatgggctg ggccttggtg gatctcctgc tggtcagtgg ggcggcggca 480
gcactaccgt ggcctggtac caggtgagcc cgctggccgc ccgcctgctc tacccctacc 540
tggcctggct ggccttcgcg accacactca actactgcgt atggcgggac aaccatggct 600
ggcgtggggg acggcggctg ccagagtgag tgcccggccc accagggact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtggt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gcccaggggt cagcagagct tcagaggtgg ccccacctga 780
gcccccaccc gggagcagtg tcctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttggaaca 840
tggaatttta taagctgaat aaagtttttg acttccttta aaaaaaaaaa            890
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 693 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```
cgtcctttca tccgggcgtt tgcctgcagc aagatggcgg cggtctcaat gtcagtggta 60
ctgaggcaga cgttgtggcg gagaagggca gtggctgtag ctgccctttc cgtttccagg 120
gttccgacca ggtcgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatatcacta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctcgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccagggagcg atgggaaaat 360
cctttgatgg gttgggcatc aacggctgat cccttatcca acatggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaaggttc caaaacccaa gtccaagtct tatggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaag 600
tcagctatgc agtatttata gtccatgtat aataaataca tctcttaatc tcctaataaa 660
ttggaccttt aaactacaaa aaaaaaaaaa aaa                                693
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1054 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```
gcagctcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct  60
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcgg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120
ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc agggtcccgc gctcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gctcaccggg acccccctgca cccctacgcc 240
gtcccctggc agtcctccat gccccagtcc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgcggccctg cccatggggt ctcaggccag 360
gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gacccctcca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgtgcct gctgaagtga tcaccccccg cccccagccc tgcatcaggc 540
cacaggtctt ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaat 600
cccaggcccc cccgccaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaa cgttgcaaat tcctttactg ttatcccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaaggtg ctacctcctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacgggagg ggaggtgacg gctggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgtagga 960
aaaacaggca tgacagacca gggtgagggt tgtgcccagc tgggccacgg ccatgcgtgg1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa                            1054
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 541 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```
aaaaatattt gctggaaagg acggtgggag gattacaggc gtgagccact gcgcccggcc  60
acattcagtt cttatcaaag aaataaccca gacttaatct tgaatgatac gattatgccc 120
aatattaagt aaaaaatata agaaaaggtt atcttaaata gatcttaggc aaaataccag 180
ctgatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcatct ccaaaaacag taaaaataac 240
cacttttgt tgggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300
actgcctgaa ttgagaattt tgatttttta aagtgtgttt ctttctaaat tgctgttcct 360
```

caatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcagatga gcttacaagt 420
attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagttatg catgatgtaa aaaatacaaa 480
cattctaatt aaaggctttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaagaa aagggaaagg 540
g 541

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggctcgagg ccattcacca acccggcccg caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60
acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120
gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgctt ggactaaggc 180
agaaactgac cacctctttg acctcagccg ccgctttgac ctgcgttttg ttgttatcca 240
tgaccggtat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300
ctaccacatc tgtgctaagc ttgccaacgt gcgggctgtg ccaggcacag accttaagat 360
accagtattt gatgctgggc acgaacgacg gcggaaggaa cagcttgagc gtctctacaa 420
ccggacccca gagcaggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480
ggcccggaag aaggagcggg agaaacgcag ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540
agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600
gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcatcaagt ttccagactt 660
caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaagct ctgtgggaca 720
gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccgac 780
acctacggag gagctggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
gaggcactgg cccgggctgg tgtgctaggg ggccctgcca caccagcatc aggcccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgaccc caaggacacc1020
atcattgatg tggtgggcgc acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc1080
tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg gggtgtgggc1140
gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaa 1187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatgtt ggtgtgcccc tagtggcgag  60
ctggattcta aatcgtgccc tttattccct gcagccctga agttcagtcc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaccc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaaag ggcagttttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300
aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420
tgggccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcgttt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
ggtggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgcct ttttatagcc 840
gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaattc cgcaagacac ctcctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggccca1080
acgacctacg gcactttgac cccgagttta ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca1140
agtcccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag1200
gcttttccta tgcgcctccc acggactctt tcctctgaac cctgttaggg cttggttta1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtggagc cgccagctga1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctcctcagtg agctcatgag gttttcattt1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gttagagtgc cgccttagac1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggtctcc tgcagatctg1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc1620
caaagctttt cctatcgcag tgtttcagtt ctttattttc ccttgtggat atgctgtgtg1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgatc acagatggat tttgttataa gcatcaatgt1740
```

```
gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggaagataa1800
atttatgtgt agacttttt gtaagatacg gttaataact aaaatttatt gaaatggtct1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaagggt ttttatggac caatgcccca gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt ttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaaccac cattttaatg tactgtaatt aacatggtta2160
taatacgtac aatccttccc tcatcccatc acacaacttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttggtttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg2280
c                                                                  2281
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1759 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```
gcggcggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc  60
gcccgccctg cgcactcacc atggcgatgc atttcatctt ctcagataca gcggtgcttc 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcctg ctggcatggc cctttcggtg ttggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgcagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttggca gaacccacca caggtggtat ttgtgtcact 360
ttggccagtc tctaatccat gtcatccagg tggtcatcgg ctacttcatc atgctggccg 420
taatgtccta caacacctgg attttccttg gtgtggtctt gggctctgct gtgggctact 480
acctagctta cccacttctc agcacagctt agctggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
tggagggaca tggagccccc tcttccagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagccccc ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggagtt cggaagccat tgcagcaacc ttccttctca gccagcctac atagggccca 720
ggcatggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccagggagaa gggttcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960
```

```
ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tccttttttct caccttttctg cctttggaac1020
acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagtttttt tatttttccc1080
attgaactcc tagttggcaa ttttgcacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagaccta tttccctttc ttggggagag1200
aataagtgac agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctggtttatt1260
ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggaagaa gatgatctga1320
tggccgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctattta1440
ttacttactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac tttataaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaatacctca cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tgggaattaa aaacaaacaa atacatttta gtaaatatat aaattttaaa tagaaaaaaa1740
agaaaaaagt agcaggggt                                              1759
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```
ggtctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attatttaat  60
aagtcatcgg tgattggtcc gcccctgagg ttaatcttaa aagcccaggt tacccgcgga 120
aatttatgct gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180
tgcgcgcttg cgcttcgctt cctggccctc gtttcctggg acatccctgg ggctagagca 240
ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgcactggga gcgcttcatg 300
tgcaaccttg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
gatgactgtt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480
cgctttcctc atgggattcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540
gggatttatg cagatgttgg aaataaaacc tgcgcaggct tccctgggag ttttggatac 600
tacgacattg atgcccagac ctttgctgac tggggagtag atctgctaaa atttgatggt 660
tgttactgtg acagtttgga aaatttggca gatggttata agcacatgtc cttggccctg 720
aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggcccttt 780
```

caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
attgatgatt cctggaaaag tataaagagt atcttggact ggacatcttt taaccaggag 900
agaattgttg atgttgctgg accagggggt tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg ccctctgggc tatcatggct1020
gctcctttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agctctcctt1080
caggataagg acgtaattgc catcaatcag gaccccttgg gcaagcaagg gtaccagctt1140
agacagggag acaactttga agtgtgggaa cgacctctct caggcttagc ctgggctgta1200
gctatgataa accggcagga gattggtgga cctcgctctt ataccatcgc agttgcttcc1260
ctgggtaaag gagtggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct ccctgtgaaa1320
aggaagctag ggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc1380
actgttttgc ttcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat1440
gtttaaa 1447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 831 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

ggagtccctc ttgctcaccc ttgacttgga aaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctaccttt actccctctc cttcaattcc actttcctct gcttactttt ttttttttc 180
tgacagggtc tcactttgtc gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240
cagcctcaac ctcccagagg cggggtttca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540
agccaccgcc accaccgccg ccgccaccac cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggacgggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a 831

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 528 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```
acgaagctga ctcctggcca ggccagcccc tggttcccta cccatacccc tgtgagcttg  60
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300
ccagcaccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
agctcctgga tgggtccggg aactcgcctg ggcacaaggt gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct ccctcctgtc catcccccac attcccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa              528
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1027 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```
ggctttgtcc tttgctcctg ctccccgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcaggttcc  60
tgatttggac agaggtgtgg ggccttccag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaatggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggtcgg gcccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttccttt gttcttcaaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgttagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccagagtc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccaggtga gtggtctttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgcccctg gcgtttccta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttaa caggattctg ccccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggttttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaatgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat1020
ttaaaaa                                                          1027
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2160 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

acttcctcca agtgataatc cagattttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gatttttgga gagccctgat 120
ttccagccta gcattgcaaa acgatacatt gatcagaaat tcgtacaaca gctcctggag 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggatt aagagcattc atcagaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaatgaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaagga ttagctttgt ttcatgctca gctagcatat 480
tgtgttgtac agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagaggtga tgtttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat tttcaggttg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccaatt 780
atgtttgcca gtttgtacaa aatttccaaa gaacactgga atccgaccat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaatggaa atgaatggca agcttttcga tgaccttact 900
agctcataca aagctgaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccaattt tttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatatat1200
ggactaaacg tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaatc1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt1380
gttgcacata gatatggtag tctgctctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttca1440
cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tcctaaaata aaactaaggt1500
atcatcctta cccttctctt tgtctcaccc agaaatatga tgggggggaat tacctgccct1560
aacccctccc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaaac cttaaatctc1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaaccaa aattcttcag1680
attgttcctc atgaatatcc cccttcctct gcaattctcc agagtggtaa cagatgggta1740
gaggcagctc aggtgaatta cccagcttgc ctctcaattc attcctcctc ttcctctcaa1800
aggctgaagg cagggccttt ccagtcctca caacctgtcc ttcacctagt ccctcctgac1860
ccagggatgg aggctttgag tcccacagtg tggtgataca gagcactagt tgtcactgcc1920
tggctttatt taaaggaact gcagtaggct tcctctgtag agctctgaaa aggttgacta1980
tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca tttaataaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaaaa2160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 642 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```
cgacgggccg cgcgcctggc gcatgcgcgc cggcgaccac gcctaaatag ccgcagcctc  60
tgcgcgtcgc cctccacggt taccccggct ctccgcccct ccttctcgcg gcgctcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcggtt 180
ggtcaaagaa aaagtgatgt atgaaaaaga ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacggtg aaaattatga cattaaaaag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatcccag attgccagcg caggttggaa gccgcatatt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttgga agaagctgag gaatataaag aagcacgttt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaacttttct cgtatggggt ggtttttgca 480
ttaaatcctg gggtccattt tacaatccat tatttttgac cactgctaat tgtggtcaag 540
gagggatgag gaattgtcga ttggttttta gctggttaca atataagatt cgtttgcgta 600
atttgacaat gcaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaa aa                     642
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```
ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggt agagcggagg agcgggtgcc  60
ggctgaagcg gggcggtggg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcggacagt cagggcgcag gtgggcagcg 180
cgcacggcct gccagcccgg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccg 240
```

cgcccgccgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300
ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360
gaagcggaac gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420
ggcggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcatcaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
accgggcgcc acatctactt cacgctggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
gcccccctgga agatcccggc tggaacgccc agatcaccct aggcctggtc aagttcaaga 600
accagcaggc catccagaca gtgcgggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgctgaggtc 720
aaggcagctt cgttgttccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
ctcaggacat gcccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct1020
cttagccccc tggctttgtg ccaggcctgg aggagggcag tcccccatgg ggtgccgagc1080
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtaccaaaag gagtacccag ggcctggtac1140
ccaggcccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta1200
aagcccactc ctgggggtct cctgctgctt aggtcctttt gggaccccca cccatccagg1260
ccctttcttt gcacacttct tcccccacct ctacgcatct tccccccact gcggtgttcg1320
gcctgaaggt ggtgggggtg aggggggttt tggccattag catttcatgt ctttccccaa1380
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa 1415

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

gcgcaggcgc agtggtgagc ggcaacatgg cgtccaggtc taagcggcgt gccgtggaaa 60
gtggggttcc gcagccgccg gatcccccag tccagcgcga cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa gaaattactg cagcagcttt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct cttaattcaa cagaaccata ttgggagtgt gattaagcaa acggatgttt 360

cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgaggtttt tggtttcata agccttttaa 420
atttaactga aagaaagggt acccagtgtg ttgaacaaat tcaagagttg gttctacgct 480
tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaatgaca 540
ccaccaagcc tgtgggcctt ctcctaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgcccat gtaccagcag cttcagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtgggaa gtgctacttt taccttctga ttagtaagac atttgtggaa gcaggaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaatgcag 780
aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840
gcgacacttg tctgggaggc aaatggtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttgcgaa 900
ctgtgatgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggcttg tttttgtaaa attaccagaa1020
aactcagtgg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttc ctctacaaaa1080
agtagggttc tgtcccatgt gtctctgaca catttacaaa ataccagttt tttaaaattt1140
tggtcaaatt atgagtggtt gatttaaaaa cttttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200
gtaatttaaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtgt1260
tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtg aaatccgtct tcgcgtcatg tatctcccat1320
atccagcagt tcagccatcc agctaccttt gggaccctgc tgcaccttgt gtttgctggg1380
gagtcactgg agagtgcatc tctgttcagt ttcagggcac gtctcacaca tttgctgttc1440
cttattcatt gttgacacag gggataggtg atccactact tgctgtagaa tgtccttact1500
ttcactagga ggcagattac tgaaatagta ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tgatgtagtt gttctcagaa atgctgaatt tatggaagag1620
gacccactct ggcatcttct tggtgattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccgag caatctgcat1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttat gtttagagtg ttttccttgg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctcgaataac1860
atctgccatt ctgagtgctg aacagttgag gaagtaatca cgacaccact tttccacaca1920
gtactcactg ctagaattca gagttgtgtc ttggtaagcc ttgtaaatgc tgatgagggt1980
aaagtgatct ccttcgggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100
ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160
aggaaactct gacatgatga ttccaaattc agaaagattt ccatcattat ccagtgctgc2220
cagataatct aagtcttcca atgcctgcat caaactttct ggtgctggtc tgttcatgaa2280
gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgcttgttag2340
gttggcttcc tgcatttctg ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg caaattcttc2400
agtgtacagg cagaaaaatt ttcctgaaga agatgagcca agaatctgct tgcgtatctc2460
tgcctggctc tggctgatgg gctgcatgac gagcgagttt gctcttattc tcgggttgta2520
caccttttctt ctttccacac ccacatcgat aacaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactctcca gagctagtag ttaacaccac tcttctttga taaacttggc atctttttttc2640
tgtttcatcg agtggcttga acaatgaaca tttctctttt ggatacaaag gaacaaccac2700
cagttctcca agatctgggt ttaggttaga tccttgatag acagtttcac agactttctc2760
aatatcttgt tcacaggcca gaaagactac aatgtcacct ttctcacccg agtggtgaat2820
ttcaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaatccttt tgagcctcac taaggtacac2880
aacctccaca gggtgtttat ttttcacttc tatgacaggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgct 2949

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 665 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac  60
cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg gggcggagcc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcatc gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa                                                             665
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 904 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

```
tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccttccat tcctgtactc  60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat ttaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240
tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaatatg 300
aaacttaaaa acaaaagcaa gttgtcctta aaagttcttt ttttaagtaa attgttgaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacttgcctc ctgctgttat ctgtgaagct caggaaatcc 420
aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480
catagttctt aacctcaact tttgtagaag tatttttttc tctgtaatat ttttattggc 540
tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaatact ttttaggtag ccatgcttga gacttttttaa aaatataact ttttccttaa 660
agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
caccctaga actttcagcc atggtgtctt cagaattgta gcgcatttct gaatctaggc 780
aaatcctcct tttacccgtt gaatgttttg aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840
gatctctagg aagggctgtt aggtaccaat tctgtttttt caactttgga aggtaaaaac 900
cccg                                                              904
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```
cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggcggc tgtgtcagct gacccaaggg  60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttgcctt gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaaggtgtcc 180
gaggcccgca aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300
```

ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtcttgg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctgt ggagtggcat tttagatgcc ctcacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatatgg cattaaatta tttccatata ttatataata ggtccttcca 600
ctttttggag agtagcaaat ctagcttttt tgtacagact tagaaattat ctaaagattt 660
catcttttta cctcatattt cttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tccctaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggttagaa 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg cttttagttt ctcttaatca aaattactag1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttggtg tatcgataat catttaaaag1080
taaagactct gtcatgcaaa tttaacccca tatttttttt ttccctgtct ccgtgacaac1140
cagtggttct tcatttttga tcatgcgaaa tgcatcttga cccagatggt ctgcagaact1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 966 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gcccagcgga gggtggaacg gcgtcggcgc 60
gagcttgtgg gccgcgctgc tcctaggggc cgtggcgctg aggccggcgg aggcggtgtc 120
cgagcccacg acggtggcgt ttgacgtgcg gcccggcggc gtcgtgcatt ccttctccca 180
taacgtgggc ccgggggaca aatatacgtg tatgttcact tacgcctctc aaggagggac 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300
catctggagg ccccagggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360
gggcgctgag attgagtacg ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gaccaaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc gggtggcacc ttctcatctc cggtgaagct gaaggggcct 600

```
gtgtccctga aaggccagca catcactggt tttctaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgtc cggaggggct tgcagggtgg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagagggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttcccact tcctgctgag 780
ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaga gggtggggaa caagtggggg 840
ctatttttgg ggaaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgctttaatt 900
gggcttgaaa cctttttttc cggtttttcc ccaggggccc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag                                                           966
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 556 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```
taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct gcgcggcggg  60
agcgggcggc gcgagcggga ggcggcggcg cagagcttgg ggcttccttg gtcgcaccca 120
ccacctgcct gcccactggt cagccttcag ggaccctgag caccgcctgg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggctgggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttcgccacgc tgtcctcttc cttcccgtcc 360
ctgtcggctg ccaacctgct catcatcacc ggcgcctttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgcctgg gtgccatcaa ggagaacaag tgcctcctgc tcactttctt ccggtgctgc 480
tggttggagg ccaccatcgc catcctcttc ttcgcctaca cggacaagat tgacaggtat 540
gcccagcaag acctga                                                 556
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```
cgggggagtg aggagaaagg gggggcttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag  60
atggcggcag ccgaggccgc gaactgcatc atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actactttga ctcctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaaggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gccggggccc gcaaggtcat cgggatcgag 360
tgttccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgcccggg acaagtggct ggcgcccgat ggcctcatct tcccagaccg ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccatcgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaagacct gaccttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
gactacgtgc acgccctggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggcttct ccaccagccc cgagtccccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag1080
ctgtgcgagc tgtcctgctc caccgactac cggatgcgct gaggcccggc tctcccgccc1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctcccccc tcctctccct1200
ccctcccgca gaaggggttt ttaggggcct gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg1260
actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc1320
tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga                                  1349
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggcccactta gagcgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccacccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240
ccaaaccaaa ggctggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttaggttag atttgaagac ggggcccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag ccctcttctc ctcttccccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttccttctca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcctaa cctcagtccc 540
ttttttgaga gtgaatgggg gagggtggga agggacccag atttgtagat ctctttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg tttgcagagc ggaagcagag tttggaaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tgttcccacc ctcagtgagg aggtgtgagt gggtgagcat gtggagttgg 720
gtgttcccac cctcagtgag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780
tggggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttggttcc cctgccccac aacatggtct 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtgcaggg1020
ctgtgcccgg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctggtgg1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgtttttc ctatttgtgg1140
ggtattttcc ccctcaggct cctgggtctg ctgctgcctc aaggtgtcct gaccttgagg1200
ctgatgaggg gacccctgcc tgtttccccc atactgagtt ctagggaggt gctcacccca1260
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gctccgagaa1320
agggtaacct ccacgcttct ctctcccaaa ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac1380
aggctccccc tgccagcttc taggatcttc cttggtgtgc aatgggccag ttaggggtag1440
gcagcttgca cccagttctc ctttatctca acttattttc ctggggagag gtgcctagag1500
ggattgaggt aacttcaact gggaattcca aggaaggtgg gcaagtagcc ttggctctct1560
cccaccatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgaccta1620
ctgaaaagtt gggaactgag gggtgccttc attccccttt gttcactttc tccagctcaa1680
cttgggactt gggtggtggg actggagacc tcacccctgc tcccgtcccg ccccctttct1740
atcccaacct gtttccatgt agcagaccct tcctagggag cagggagggg aagccacaga1800
ttgcaaaccc aggggctcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatatcct cagcccaaag1860
gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aacccggatc ttgtatcttt1920
gtataacgga tgttatttgt acgaagggca gttcgtaaac agcacttgtt cttttaataa1980
aagaatgttt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a 2021

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

```
gcgaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaaggtgaa ggctctggaa ggcttccccc  60
gtctcgtggg tcctgacttc tttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
gcttggatgc cctcaggggt gctgacccct gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tcctcagggg 240
gatggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtggtcac 300
ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggctttggc atgacttaag aggaagggca 360
gtcttgggcc cgctatgcag gtcctggcaa acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgctgta tccctgttgt 480
gaggttcctt ccaggggctg gcactgaagc aagggtgctg gggccccatg gccttcagcc 540
ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttcctg aggtcaggtc ttggtaggtg 600
cctgcatctg tctgccttct ggctgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
aaaaagttca cagtcaaatg gggaggggta ttcttcatgc aggagacccc aggccctgga 720
ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct tttcgcagca 780
ctgctatcct ccaaagccat tgtaaatgtg tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
ttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1212 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```
ggcggggcct gcgggcggac cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg  60
aagatgcgga cgaggcggga gttccccgtg atctccgtgg tggggtacac caactgcgga 120
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgccacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgctgc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggctt cctctcccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccactcggat ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360
cccgaggcgg agtccagaaa tgcagcgttc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgctcct ggactccatg gtggaggttc acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctcactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggcg cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggcggccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcatcgct gcctggggag ctgaggcgtt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtgcagcagg gtcctccttg tctggttctg cacccgtctc gctcccagcc atttgctggg 900
atgaccgtgc aggccggtga cacggccgca cctgccccaa agcgggccgc ccgagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggccctc ggtgcctgct gtgaactgct1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa1080
aaatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggcccctcc1140
gcccggctgt ctgtgttcac agatggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac1200
gaaaaatcag gt                                                    1212
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 494 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```
ctccctaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca  60
aatcactcat tgtttgtgaa agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctggtcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagacttc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc ccctccggaa gctgttgcag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtctttcaa 420
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc                                                   494
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 729 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```
tttttttcct tgggaagcag gagtttattt ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat  60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg tttatccgga ggacagtctg cggggtcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttcctt ttcctgaatc tcataatgat tcttggccat 180
gattctgtct tttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtgaagtt gtctgcccca accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagtg caccacggca aagagcctgc catactgccc cgtgacgatc 420
atctcattca ccttcttcac gacctctgca tggtgtctgg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tggtgaactc agggatgttt taggaacata tcctggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaagggaggc tgctccgggc 600
cccgaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgccctaa ggtgaccgtc 660
```

```
agggaagatg ctgccatggc cgccgccatc ttcccgcagc ctcggccgga aacggaaacg 720
acgcgaacc                                                          729
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

```
cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat catacccact gaggaataga ggccagggca  60
gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct agggaagcag aaggaggaag acgctggaat 120
cattgtcagg actgagaata tggtgtgagt tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180
ggccagatta atctctttcc cccctccatg atggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240
atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gagtcaggtg gtgagctcat cgagagggat 300
ggcaagaagt acaagctctt ctatggaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgct 360
gggggcgtgg ctgagtacag gtatgtgtgg aggcccagga gcttagtaat agtatggagg 420
cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480
ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540
aataaagttt ttcctacttt aagagcctca gagggaaaga cagtggaagt tccttttaaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660
gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ccttcatccg agtcacccag 720
caggtgaatc caatcttcag tgaggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780
accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac tttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaatgccca aggcactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960
aaacagtctg agaaaatgat gcaagaaaat caaatgggaa tctggggacc caacacaaca1020
tcctgaagat tattaaaagg aaaagatgct gattggtaca taaatctttt acatggcctt1080
ggtctagagg aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac1140
cttcacatat ctaaaaagct ctgaagtgtt tgtatatttg aaatacctca ataaagagag1200
agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct1260
gctgcagagt gggtggtggt agggtcagca ctgacccagt ggggtcaaga acaat     1315
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```
tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc  60
tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120
ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggtttgtgt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttcct 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttgga atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct ccctgagtgg cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780
atcctcccag gcctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtccag ctcagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtttct ccgtccctac acagggagct cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gcccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtcccgct1140
gccactttcc tcactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgctttctgt1260
ttttttcttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttatttaaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc cttccctgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgtcacttca cactcggcat1500
gcattgtgaa agctttccat acccttggcc attccctctc tcctctctct ccaaccccat1560
```

```
ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaacctttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttgttt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aattttagag1680
aaacaaacgt aggccttgtt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttatttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtgggacaca1800
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctgtt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactg tggaatctat ttctaaccta aaggtgctgc cctagtactt ttcttttgct1920
gcctctgctg ctctttttcc ttttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a                              2011
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2009 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```
agggggata gaagggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag  60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaag aagacaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360
cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540
caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc ttttttcccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct ccctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
agtttgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attcctttgg catggttgcc atgttggtta 900
aatttgtata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg ttttgtaggt gtgggattat 960
ggtttgtgta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgttaatatg1140
```

```
ttacacttaa tattctccac agttaccttt agagagaatt tatgagaagt tagtttctga1200
tgcagaggtt tttaggctgt gatttcatca aaagtccttt tagcattcta cctcaaaggg1260
acacttagta tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320
gacatgtaat ctttttttct tgaattcttt ctcagatttt aaagtactat attaaagaaa1380
aaaattaatg tctaaagcct agcattcttg cagaacccta tactaacatg taatggggag1440
agggtggggc agatgagtag agaaacagat tcaagcctca agcttccaaa gcatttttat1500
aaatggaaaa tccttaaatt atgaaacagc ttgatatagt gtccttttt taaaattcag1560
aacttttttt attgataatg gagattgctg tttgagtttt taaacttaat ctagaacaga1620
ggagtattaa aagtaatgct gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatag1680
attgttctta caacttgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgtggaa taaatactgg1740
attaaatcct ttatcctggg tcttggcttt tcccccattt gttaaatttt tttagcatat1800
ttatattgtg gaaattgatg aaacgtcagt agagtcacac tttgtgtaca gggatgtctt1860
agtgcccaga tgacaagtga attttggaga aatgcataga ctgggattgg gcatgtggta1920
atcaataatc tttattagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttgttaca1980
tgtgtcattt gattactttg ttccatgtc                                  2009
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2269 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```
gcctggccct tgcagagaag gccagctggt tgggggaaca gccccagttc tggtcgaaga  60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgccat 120
tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctgc aattgtgccc ttgaggagct 180
gcgtctggtc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
cagctcttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagacccag ggccctttga ccagggcagc ccctttgccc aggagctgct 360
ggacgacggt cagcaagcca gcccctacca ccccggcagc tgtggcgcag gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actggtgctt ctcggagctc ccactcctca 480
gactccggtg gaagtgacgt ggacctggat cccactgatg gcaagctctt ccccagcgat 540
ggttttcgtg actgcaagaa gggggatccc aagcacggga agcggaaacg aggccggccc 600
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctcgagggca agaagagcaa gcacgcgccc 660
```

```
agaggcaccc acctgtggga gttcatccgg gacatcctca tccacccgga gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcggcatgaa ggcgtcttca agttcctgcg ctccgaggct 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggccatga ggtactacta caaacgggag atcctggaac gggtggatgg ccggcgactc 900
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaaggagg aagaggttct ccagagtcgg 960
aactgagggt tggaactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaacc1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cctccactgg ggaatgctcc cagctgtgct1080
gtggagagaa gctgatgttt tggtgtattg tcagccatcg tcctgggact cggagactat1140
ggcctcgcct ccccaccctc ctcttggaat tacaagccct ggggtttgaa gctgacttta1200
tagctgcaag tgtatctcct tttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaaa1260
tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact1380
ggcgttcacc tccctgctca gtgcttgggc tccacgggca ggggtcagag cactccctaa1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgta catagagatc tatttttttct aaaacattcc1500
cctccccact cctctcccac agagtgctgg actgttccag gccctccagt gggctgatgc1560
tgggaccctt aggatggggc tcccagctcc tttctcctgt gaatggaggc agagacctcc1620
aataaagtgc cttctgggct ttttctaacc tttgtcttag ctacctgtgt actgaaattt1680
gggcctttgg atcgaatatg gtcaagaggt tggaggggag gaaaatgaag gtctaccagg1740
ctgagggtga gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcaggtgtg1800
ggcttacaga cacatggact gggctgggag gcgagcaaag gaagcagctg agactgttgg1860
agaacgctta caagacttca tgcaagcaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag1920
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ccttgacctt gaccaagtct gtcctgttta1980
ggactgattt ttcctattag gctagggttt ggacctgatg ttctcaagat gtctagaatt2040
gcatggctgg ccttgtggaa tagatggttt tgcattccag ccaagtgtgc tgtaaactgt2100
atatctgtaa tatgaatccc agcttttgag tctgacaaaa tcagagttag gatcttgtaa2160
aggtggagat gagtacttgc tgagaaagaa tgggggaagg agttggcatt tgttgaaagt2220
atagtctttt tctctggggt tttttaattg caacttttac tttagattt            2269
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

caaaaaaacc tcttaatatt ctggagtcat cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tccttgggta ttagagtttc aaccatgaag tctctaacaa tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggt ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
acccccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac ttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttcccct 420
tttgcattct ccctccttcc cttccttgta gccttttgac tttcattgga aattaggatg 480
taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgaggtg gtatcttcac gtagaacatt 660
ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaattaaa tagcttttgt gtcttacatt 780
ggtagccagc cagccaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattg ggttccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tcccctctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccatt tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca1020
tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc1080
tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg1140
gtgccctggc ttctctgagg aagctggggt tcatgacaat ggcagatgta aagttattct1200
tgaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc1260
tctagaaaga atatttggtt ttcctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggtattt1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatcctattt1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc1500
tgagggaaaa gggagggaaa aggaagttat gggaatacct gtggtggttg tgatccctag1560
gtcttgggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttc ccatcccctg tgggaaatta1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttcctaac atacctaagc1680
aaacccagtg tcaggatggt aattcttatt ctttcgttca gttaagtttt tcccttcatc1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcttc aaccagggat1800
tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg1860
tcaaaaaaaa aaaa 1874

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 687 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```
gggccaagtg ccccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa  60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540
tctacccaac cagggccccg gggcctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgctc tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag gggtgtg                                     687
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```
gagcaacgct ggagcatccc gctctggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca  60
 tgttcccgct gttgctcctc cttctgccct tccttctgta tatggctgcg ccccaaatca 120
 ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttcctggg aaagtagttg 180
 tggtcacagg agctaataca ggtatcggga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
 gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattggtg gccaaagaga 300
 tccagaccac gacagggaac cagcaggtgt tggtgcggaa actggacctg tctgatacta 360
 agtctattcg agcttttgct aagggcttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
 tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
 acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccca tctgctgcta gagaaactaa 540
```

```
aggaatcagc cccatcaagg atagtaaatg tgtcttccct cgcacatcac ctgggaagga 600
tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actggttcgg cactcatctt 780
tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg1020
gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatga ttctccttca1080
aggttttcaa aacctttagc acaaagagag caaaaccttc cagccttgcc tgcttggtgt1140
ccagttaaaa ctcagtgtac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact1200
ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gaccctcata1260
tgacctgcac agctcatttt ccttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat1320
agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gttcctccca1380
accaaccagt cttcacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaa1440
agactggctc aggagcaggg cttgccaagg catggtggat caccggagtc aagtagttca1500
agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc                                    1528
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```
RDTVVGDGTE RSVTASRASA PRPWQSQTDS DSDSEGGAAG GEADMDFLRN LFSQTLSLGS  60
QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120
YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTQNIDTLE 180
RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR                               212
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP 29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPVFSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH 44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:77 :

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```
GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL  60
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK                  105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```
GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLNV  60
DPRYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMAW 120
SKPRNVQILN MVTRQGALWA NTLGSLALLY SAFGVIIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L                     221
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```
DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEFS DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL  60
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAAKSVK LERPVRGH   118
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```
ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK  60
VDPRKDAHSN LLAKKETSNL YKLQFHNVKP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ        293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```
MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60
SRIPGVPWCF KPLQEAECTF                                             80
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```
MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC  60
GFTSQTARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ   118
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:84 :

(A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```
MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY  60
LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120
ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180
LRESQSYLVE DLERS                                                  195
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP 39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL 37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```
GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGSWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG  60
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR                       100
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

```
PGLAAGLATL LLPSPPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP  60
SRP                                                               63
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

```
GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQPQ  60
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ        113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```
HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM  60
KWNRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT                               153
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY  60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLYEVSQLK D                                            141
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFFY VLIILRLLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS 39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTMR PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH  60
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGIKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQPSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH                   284
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF                                                               63
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60
DAPIHGNPLT HFKT 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLLILRR 60
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMFLG WSQLFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG 60
ISGICFLAVF STFLPPW 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT  60
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLLVS 120
GAAAALPWPG TR                                                      132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS  60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRLWF 120
PWASTLGSWP                                                         130
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```
RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD  60
TQLITVDEKL DITTLTGVPE EHIKTRKVRI FVPARNNMQS GVNNTKKWKM EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTFS TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180
TRVSTK                                                            186
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```
QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKFAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG  60
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL                106
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```
GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA  60
ETDHLFDLSR RFDLRFVVIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180
DTTAEQRRTE RKAPKKKLPQ KKEAEKPAVP ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300
RHWPGLVC                                                         308
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

(A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

```
IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPPSPSQQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV  60
IGKGSFGKVL LARHKAEEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120
FSFQTADKLY FVLDYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180
KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST TSTFCGTPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240
GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300
DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360
SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL                                    388
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```
TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV  60
LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVLG SAVGYYLAYP LLSTA                 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG  60
CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEPD SCISEKLFME 120
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAPQRD SEGRLQADPQ RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIKS ILDWTSFNQE 300
RIVDVAGPGG WNDPDMLVIG NFGLSWNQQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360
QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL   478
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

```
ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSFP ATFTPSPSIP LSSAYFFFFS  60
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHTTTA GLIFC      115
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```
TKLTPGQASP WFPTHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60
NFESRWNDI                                                         69
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:109 :

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```
MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60
WHKELLFSLA KKKKKKKK                                               78
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

FFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVPG SELGAGDI 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60
DFSVSFVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60
PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```
IAAASARRPP RLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE  60
EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDLEEAEEY 120
KEARLVLDSV KLEA                                                   134
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```
SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP  60
PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAAAVEA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120
RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P          171
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```
AWSSSRTSRP SRQCGPGRAS GPGPSCPKPP GAPSFLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA  60
VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGRR LRRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120
ASYGMRGSWH RSPLPAVVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRAV PHGVPSQRLR NQEASLVPKG 180
VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLLRSFW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240
PPLRCSA                                                           247
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```
SKLNSYYGNV PVIEVKNKH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE  60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPISQ SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMNRPAP ESLMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEEAALT CWKTFLHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVEKWCR DYFLNCSALR 360
MADVIRAELL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q                     521
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```
MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP  60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA              108
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
GVGGSSY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```
SNMAAPSGGW NGVGASLWAA LLLGAVALRP AEAVSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG  60
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLYFTQF KAEVRGAEIE 120
YAMAYSKAAF ERESDVPLKT EEFEVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL      175
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```
APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYLM FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT  60
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120
TDKIDRYAQQ DL                                                      132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL  60
TYRNSMFHNR HLFKDKVVLD VGSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFTIDLD FKGQLCELSC STDYRMR    357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGMNGC  60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGAEYQRR GMAVTISPSP NLSPFFESEW 120
GRVGRDPDL                                                         129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QGQDKPSGLW PPGPWFPCPT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPQGVL TLRLMRGPLP VSPILSSREV 120
LTPDS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEPV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60

HFSRPFLRVW GEHLPRTQYG GNRQGSPHQP QGQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PHSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPSP 60
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLS KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60
GHLCGCGHQA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTTM TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60
QGGFGMT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAAE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYTNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

```
PWALQLHRLL GWSPNHSLFV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE  60
LLDFFFISEP LFKLSLAKFD APPEAVAAKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

```
LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVTILFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSFP  60
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120
VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCEL NLREADQREA 180
APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT                226
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```
VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS  60
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAEVVKKV NEMIVTGQYG RLFAVVHFAS 120
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLLGKDL VRVEATVIEK 180
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL                    222
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

```
MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV  60
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA 120
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAAKLKEL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180
C                                                                 181
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

```
STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV  60
YDPRSLYERL QEQKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL             168
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

```
TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSRSRSRN  60
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV                    153
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

```
KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTEVG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN  60
IKMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120
QTNMIVEGAK V                                                       131
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY  60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP                                       144
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

```
RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK  60
EYWDCLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN     176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE  60
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP       114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV  60
VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKEI QTTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120
SIRAFAKGFL AEEKHLHVLI NNAGVMMCPY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLLEKLK 180
ESAPSRIVNV SSLAHHLGRI HFHNLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSGV 240
TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID                              333
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1624 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149 :

```
TGAGCGGGGG ATGATGGCGC CGCGGAGGGT CAGGTCGTTT CTGCGCGGGC TCCCGGCGCT   60
GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCCCGCNTG CGAGCCACGG CGGCAAGTAC  120
TCGCGGGAGA AGAACCAGCC CAAGCCGTCC CCGAAACGCN GAGTNCCGGA GAGGAGTTCC  180
GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGGGAGA AGGCCCAGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG  240
AGGCTGGCCG ANGCTCCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG  300
AAGAAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG  360
CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT  420
NGACCAGCAA CTCCCTCAGT GGCACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG  480
AAAAGCTGTN GGCACAAGGC GAAGACNCTC TGGGAAATTC TCCGGCGAAG AACNTGGACA  540
AGCTCTGGCG GGAGTTCCTG CATCACAAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG  600
GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC  660
TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA  720
GAAGCTGCGC AGNATCCAAC CANGGGCCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAGGGC  780
TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGAGCCC AGGGTGATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCGCA  840
GTCCGCCAAC CTCACGGACA AGGAGCTGGA GGCGTTCCGG GAGGAGCNTC NAAGCACNTT  900
CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCAC TACCAGAANG CANGCTGGAG ATTGCGCACG  960
AGAAGCTGAG GCACGCAGAG AGCGTGGGNC GANCGGCGNA GCGTGTNGAG CCGCNNAGCC 1020
GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCNAAG GNAGCTGGGC TACACGGTGA 1080
ANGAAGCATC TGCAGGANCC TGTCCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN 1140
CTCTGAANGG CNATTGGGGA GNCCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGGNNNC CNAGCGTGNA 1200
ANGGACCNTG NGGCTCTTGG CCNGTGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCCNGCC GTCAGGGTGG 1260
CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGCAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAGCCGCT 1320
GCCGTCGCGA CACANGGGCT TGGTGGTGGT AGCNATTTGG GTCTGAGATC GGCCCAGCNT 1380
CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCCAGTNGA 1440
GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT 1500
TACATNAAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGCACAGAGT CCTTAAAAAA 1560
TANGAGTGCA GTATTTNNNA AACCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1620
AAAA                                                               1624
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150 :

```
AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG   60
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT  120
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA  180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCCTTGAG ATCACTCTGA TGTCACCAGT  240
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTCACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT  300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA  360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG  420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG  480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG  540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT  600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA  660
AAGTTCACTG AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC  720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC  780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC  840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTC ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA  900
ATGCTTTCAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA  960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA 1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTTTT 1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC 1140
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT 1200
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT 1260
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA 1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTTTGTAAA AGGTTTTTTA TACATTTCAA 1380
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC 1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTTCAT 1500
ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT 1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA 1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG 1680
TTGATATTTA CAAACTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA 1740
AAAAAAACGG CTCGAG                                                  1756
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 :

```
CTCAGTATTA AGCAACAGAA AATGAGACTC ATCGTAGACT CAGCATAGAC CCATCACAGA   60
CCTGTCAGAG GCCGATTGTA AGCTCGCTGT AGACCCATGA TAGCAGACCC GTAGTCACTA  120
GCACTGGATC AAATGCAAGC TTATAAAGCA TTGGACACCT CAAGTCTAGT CGGCGAGCAG  180
GTCACAAGCT ACCTAACTAA GAAGTTTGCT GAACTACGCA GCCCCAATGA GTTCAAGGTG  240
TACATGGGCC ACGGTGGGAA GCCCTGGGTC TCCGACTTCA GTCACCCTCA TTACCTGGCT  300
GGGAGAAGAG CCATGAAGAC AGTTTTTGGT GTTGAGCCAG ACTTGACCAG GGAAGGCGGC  360
AGTATTCCCG TGACCTTGAC CTTTCAGGAG GCCACGGGCA AGAACGTCAT GCTGCTGCCT  420
GTGGGGTCAG CGGATGACGG AGCCCACTCC CAGAATGAAA AGCTCAACAG GTATAACTAC  480
ATAGAGGGAA CCAAGATGCT GGCCGCGTAC CTGTATGAGG TCTCCCAGCT GAAGGACTAG  540
GCCAAGCCCT CTGTGTGCCA TCTCCAATGA GAAGGAATCC TGCCCTCACC TCACCCTTTT  600
CCAACTTGCC CAGGGAAGTG GAGGTTCCCT CTTTCCTTTC CCTCTTGTCA GGTCATCCAT  660
GACTTTAGAG AACAGACACA AGTGTATCCA GCTGTCCACG GGTGGAGCTA CCCGTTGGGC  720
TTATGAGTGA CCTGGAGTGA CAGCTGAGTC ACCCTGGGTA AGTTCTCAGA GTGGTCAGGA  780
TGGCTTGACC TGCAGAAGAT ACCCAAGGTC CAAAAGCACA AGGTCTGCGG AAAGTTCTGG  840
TTGTCGGCTG GGCACCACGG CTCACACCTA TAATCGAGCA CTTTGGGAGG CCAAGACAGG  900
AGGATCACTT GAGGCCAGGA GTCTGAGACA AGCCTAGGCA ACAAAACAAG ACTCTGTCTC  960
TACAAAAAGT TTAAGAAATG AGCCAGACAT GGTGGTGTAT GCCTGTAGTC CCAGCCACTC 1020
AGAAGGCTGA GGCAGGAGGA TCGCTTGAGA CCAAGAGTTT GAGCCTGCGG TGAGCTGTGA 1080
ATGCACCACG GCACTCAAGC CTGGGCAATG TAGCAAGATC CTGTCTCTAC AAGAAATTTT 1140
TTAAAAATGA GCCAAGTGTG GTGGTGCATG CCTGTAGTTC CAGCTACTCA GGACACTGAC 1200
GTAGGAGGGT TGCTTGAGAC TGAGAGTTGG AGGCTGCGAT GAGCCATGAA TGCCCCACTG 1260
CACTCCAGCC TGGGCGACAG AACGAGACCC CATCTCAAAA AAAATAAGTT CTGGTTGTCA 1320
TTGAATTGGG ATAAACAGAG AGCTTGATGC TTTCTGCCTT CTGTCTCAGG TGATGCATTG 1380
CACATTTGGG ATATTTGGAA AGGAAATGAG GAAAGAAATT AGGGCCTCCT CTGATCTCTC 1440
GCTATCTGCG GGTCCTGTCC TTTTCTCAAG ACCTTCACCA TTACTGGTGT TTTCCTGTCT 1500
TCTCTTTAGT ATGATCCCTC AAAACCTCAC TAACTGGAAG GATGATTTTG TCTCAGTTTG 1560
TACTCCTAAA TAAAAAGTAA ACATGACACC TCTAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1620
AAAAAAAAAA AAAAAAAA                                              1638
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2589 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152 :

CAACCAGGGA GATTTCTCCA TTTTCCTCTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATTT 60
TTTTATTACT TCTTTTTTTT TCGAACTACA CTTGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTTT 120
CCACCCTTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTTT 180
TATCCGGAGT GTATTTAATC GGTTCTGTTC TGTCCTCTCC ACCACCCCCA CCCCCCTCCC 240
TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTTGCC GCCGCCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300
GTTACACCAA CCCGAGGCTC TTTGTTTCCC CTCTTGGATC TGTTGAGTTT CTTTGTTGAA 360
GAAGCCAGCA TGGGTGCCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAGC CGCCGCGGAG 420
AGGCCTGGGG AGGCGGCTGT GGCCTCGTCG CCTTCCAAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480
CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCCC GCGGCCGCCG AGTCGGGCGC CAAGGAGGAG 540
CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCGCGGC CGCCGGGAGC 600
GGGGCGGCGT CGCCCTCCTC GGCCGAGAAA GGTGAGCCGG CCGCCGCCGC TGCCCCCGAG 660
GCCGGGGCCA GCCCGGTAGA GAAGGAGGCC CCCGCGGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCGGC 720
TCGGCCACGG CCGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGCCGCCT CCTCGACTTC TTCGCCCAAG 780
GCCGAGGACG GGGCCACGCC CTCGCCCAGC AACGAGACCC CGAAAAAAAA AAAGAAGCGC 840
TTTTCCTTCA AGAAGTCTTT CAAGCTGAGC GGCTTCTCCT TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900
GCTGGAGAAG GCGGTGAGGC TGAGGCGCCC GCTGCCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCCGCC 960
GGGGGCGCAG CTGCGGCCGC CGCCGAGGCG GGCGCGGCCT CCGGGGAGCA GGCAGCGGCG1020
CCGGGCGAGG AGGCGGCAGC GGGCGAGGAG GGGGCGGCGG GTGGCGACCC GCAGGAGGCC1080
AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGCGCCAGAG AAGCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC1140
GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGGC CAGCGCCGCC1200
GCCTGCGAGG CCCCCTCCGC CGCCGGGCCC GGCGCGCCCC CGGAGCAGGA GGCAGCCCCC1260
GCGGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGCCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC1320
CAGCCCGAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCCA GCGGAGGCGG CAGAGTAAAA GAGCAAGCTT1380
TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTTCTCCCC CGTTTGTTTG TTGGAGTGGT GCCAGGTACT1440
GTTTTGGAGA ACTTGTCTAC AACCAGGGAT TGATTTTAAA GATGTCTTTT TTTATTTTAC1500
TTTTTTTTAA GCACCAAATT TTGTTGTTTT TTTTTTTCTC CCCTCCCCAC AGATCCCATC1560
TCAAATCATT CTGTTAACCA CCATTCCAAC AGGTCGAGGA GAGCTTAAAC ACCTTCTTCC1620
TCTGCCTTGT TTCTCTTTTA TTTTTTATTT TTTCGCATCA GTATTAATGT TTTTGCATAC1680
TTTGCATCTT TATTCAAAAG TGTAAACTTT CTTTGTCAAT CTATGGACAT GCCCATATAT1740
GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGGTC ACAATGGGGA1800
AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG1860
TCTTTTTTTT TTTTTTTAAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTTGTGAGGC AGGTTTACAA1920
CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GGAAAAAAGA AAAAACACCA ATACCCAGAT1980
TTAAAAAAAA AAAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTTCATTT AAACCATAGG AACTTTTCAC2040
TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGGCTTT2100
ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGTAATT ATGTATTACC AGCAGGGTGT2160
TTTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAAA TCTTGATATC CAGAAGCACA TGAAGTTTGC2220
AACTTTCCAC CCTGCCCATT TTTGTAAAAC TGCAGTCATC TTGGACCTTT TAAAACACAA2280
ATTTTAAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT2340
TTTGATTACA GCAGATAATG CTTTCTTTTC CAGTCGTCTT TGAGAATAAA GGAAAAAAAA2400
TCTTCAGATG CAATGGTTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTTGTAA ATACTGGAGA2460
AGCTTTGACC AATTTGACTT AGAGATGGAA TGTAACTTTG CTTACAAAAA TTGCTATTAA2520

ACTCCTGCTT AAGGTGTTCT AATTTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580
ATAAAATGT 2589

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2963 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153 :

CTGCAACACC ACCTTCGGTG ACGGGCCTGA CATGCTGCGC ACAGACTTGG GCGAGTCCAC 60
CGCCTCGCTG GACAGCATCG TCAGGGATGA AGGGATCCAG AAGCTCGGCG TGTCCTCTGG 120
GCTGGTGAGG GGCAGCCACG GAGAGCCAGA CGCGTCCCTC ATGCCCAGGA GCTGCAAGGA 180
TCCCCCTGGC CACGATTCCG ACTCAGATAG CGAGCTGTCC CTGGATGAGC AGAGCAGCTC 240
TTACGCCTCC TCACACTCGT CAGACAGCGA GGACGATGGG GTGGGAGCTG AGGAAAAATG 300
GGACCCGGCC AGGGGCGCCG TCCACAGCAC CCCCAAAGGG GACGCTGTGG CCAACCACGT 360
TCCGGCCGGC TGGCCCGACC CAGAGCCTGG CTGAGAGTGA CAGTGAGGAC CCCAGCGGCA 420
AGCCCCGCCT GAAGGTGGAG ACCAAGGTCA GCGTGGAGCT GCACCGCGAG GAGCAGGGCA 480
GTCACCGTGG AGAGTACCCC CCGGAACCAG GAGAGCGGGG GCGCACAGGG CTTGCTAGCA 540
GCCAGCCCCC AGAGCAGAGG AAAGGCATCT TGAAAAATAA AGTCACCTAC CCGCCGCCGC 600
TGACGCTGAC GGAGCAGACG CTGAAGGGCC GGCTCCGGGA GAAGCTGGCC GACTGTGAGC 660
AGAGCCCCAC ATCCTCGCGC ACGTCTTCCC TGGGCTCTGG CGGCCCCGAC TGCGCCATCA 720
CAGTCAAGAG CCCTGGGAGG GAGCCGGGGC GTGACCACCT CAACGGGGTG GCCATGAATG 780
TGCGCACTGG GAGCGCCCAG GCCGATGGCT CCGACTCTGA AGGCAGTAAT GAAACTTCAA 840
TTTGAACCAT CAGTAATGAA ACTTCAATTT GAACCATCAG GAAACCGTGA GGCAAGCCCG 900
TCACCCCACA CAGGCTGCGG CATCACCCTC AGACCTTGGA GCCCAAGGGG CCACTGCCCT 960
TGAAGTGGAG TGGGCCCAGA GTGTGGCGGT CCCCATGGTG GCAGCCCCCC GACTGATCAT1020
CCAGACACAA AGGTCTTGGT TCTCCCAGGA GCTCAGGGCC TGTCAGACCT GGTGACAAGT1080
GCCAAAGGCC ACAGGCATGA GGGAGGCGTG GACCACTGGG CCAGCACCGC TGAGTCCTAA1140
GACTGCAGTC AAAGCCAGAA CTGAGAGGGG ACCCCAGACT GGGCCCAGAG GCTGGCCAGA1200
GTTCAGGAAC GCCGGGCACA GACCAAAGAC CGCGGTCCAG CCCCGCCCAG GCGGGCATCT1260
CATGGCAGTG CGGACCCGTG GCTGGCAGCC CGGGCAGTCC TTTGCAAAGG CACCCCTTGT1320
CTTAAAATCA CTTCGCTATG TGGGAAAGGT GGAGATACTT TTATATATTT GTATGGGACT1380
CTGAGGAGGT GCAACCTGTA TATATATTGC ATTCGTGCTG ACTTTGTTAT CCCGAGAGAT1440
CCATGCAATG ATCTCTTGCT GTCTTCTCTG TCAAGATTGC ACAGTTGTAC TTGAATCTGG1500

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560
GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCTACAG CTGCCTTCGG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620
GGGCCCTCCC CGCCGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTTCGCT GTGTGTGCGT TTGTCCTCTG1680
CTGCCATCTG CCCCGGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740
AGGAGCCCTG CTGAGGTCAC TGTGGGGCAC GGTTGCCACA CGGCTGTCAT TTTTCACCTG1800
GTCATTCTGT GACCACCACC CCCTCCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCG GGAGCTGCAG1860
GTGGGGATGG CTTTGTCCTT TGCTCCTGCT CCCCGTGGGA CCTGGGACCT TAAAGCGTTG1920
CAGGTTCCTG ATTTGGACAG AGGTGTGGGG CCTTCCAGGC CGTTACATAC CTCCTGCCAA1980
TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGCAGGG TTCTCCCCTC TGGAGTCTGA2040
CCAATTACTT CATTTTGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100
CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTTTTTGGA AATTCACACC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160
CAGCTGGCAC ACGTGGCCCG AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAACTGTC AGACATGTTT2220
GATTTTAGCG TTTCCTTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCCAA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280
CTTCCAAATA GGAGAAACCA TAAAATAGGA TGAAAATCAA GTAAAATGCA AAGATGTCCA2340
CACTGTTTTA AACTTGACCC TGATGAAAAT GTGAGCACTG TTAGCAGATG CCTATGGGAG2400
AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCCT2460
CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTTCGA AGATAAAAAA2520
CTCTAGTCCC TTTAAACGTT TGCCCCTGGC GTTTCCTAAG TACGAAAAGG TTTTTAAGTC2580
TTCGAACAGT CTCCTTTCAT GACTTTAACA GGATTCTGCC CCCTGAGGTG TAATTTTTTT2640
GTTCTATTTT TTTCCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GGTGTAATTT TTAATTTGAT2700
CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760
TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTTAA CAGAACGTGT2820
ATTTATTAAT GTTCAAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880
TTTTGAATTT GTAAAAGAAA AAAAAGGGGG GGGAGAGGAA GGAGAGAAGA AGAAAAAAAA2940
GACGAAAAAA GAGAAAGTTG TTA 2963

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3234 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154 :

CCGCAGAGGG CCGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60
AGAGCGGGCA CCGCGGCAGT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120

```
GCTCCAGGCA GGGCGGGCTG CGCTGGCAGC GGCCGCTGAG GTGCTGGCCG GCCGGCTGGC 180
TGGCGACGGG GGCAGAAGCG ACGAGAGGCG CGCTCGGCAC CCGCACCCCC GTGCCCCCGC 240
CTCAGTTGTC TAAACTTCGG GCTCTCTTCC ACCGTCTGCG CGCCCAGAGT CAACAACTTC 300
TTCACCCCCC TCCGCCCCCG CCCTTCCCTC CGTCAGCCCC GGGAGCTCGC CGCGGCCCGG 360
GGACCAGGAA CCTCCAGCGC TGAGATGTGG CCGTGAGGCG TTGGCGGGCG CCGAGGAGAA 420
GCTCGGCGGC GTCCCGGGGC CGGAGGGCCG TGGGGCCGGG GCGCAGGGGC GCGAGCACCC 480
CGCGCCTCTC CCCCGCCTCC TCCTGCCGTC TCCGCCGCTG CCCGTGCCTT GCAAGCAGCA 540
GCCGGAGCTG CCAAGCGTCA GGGCCGCGGA GATGTCGTCG TCGTCGCCGC CGGCGGGGGC 600
TGCCAGCGCC GCCATCTCGG CCTCGGAGAA AGTGGACGGC TTCACCCGGA AATCGGTCCG 660
CAAGGCGCAG AGGCAGAAGC GCTCCCAGGG CTCGTCGCAG TTTCGCAGCC AGGGCAGCCA 720
GGCAGAGCTG CACCCGCTGC CCCAGCTCAA AGATGCCACT TCAAATGAAC AACAAGAGCT 780
TTTCTGTCAG AAGTTGCAGC AGTGTTGTAT ACTGTTTGAT TTCATGGACT CTGTTTCAGA 840
CTTGAAGAGC AAAGAAATTA AAAGAGCAAC ACTGAATGAA CTGGTTGAGT ATGTTTCAAC 900
TAATCGTGGT GTAATTGTTG AATCAGCGTA TTCTGATATA GTAAAAATGA TCAGTGCTAA 960
CATCTTCCGT ACACTTCCTC CAAGTGATAA TCCAGATTTT GATCCAGAAG AGGATGAACC1020
CACGCTTGAG GCCTCTTGGC CTCACATACA GTTGGTATAT GAATTCTTCT TGAGATTTTT1080
GGAGAGCCCT GATTTCCAGC CTAGCATTGC AAAACGATAC ATTGATCAGA AATTCGTACA1140
ACAGCTCCTG GAGCTTTTTG ATAGTGAAGA TCCCAGAGAA CGTGACTTCC TGAAGACTGT1200
TCTGCACCGA ATTTATGGGA AATTTCTTGG ATTAAGAGCA TTCATCAGAA AACAAATTAA1260
CAACATTTTC CTCAGGTTTN ATATATGAAA CAGAACATTT CAATGGTGTT GCTGAACTTC1320
TTGAAATATT AGGAAGTATT ATCAATGGCT TTGCATTGCC ACTGAAAGCA GAACATAAAC1380
AATTTCTAAT GAAGGTTCTT ATTCCTATGC ATACTGCAAA AGGATTAGCT TTGTTTCATG1440
CTCAGCTAGC NATATTGTGT TGTANCAGTT CCTGGAGAAA GATACAACAC TAACAGAGCC1500
NAGTNGATCA GAGGACTGCT GAAATTTTGG CCAAAAACCT GCAGTCAGAA AGAGGTGATG1560
TTTTTAGGAG AAATTGAAGA AATCTTAGAT GTCATTGAAC CAACACAGTT CAAAAAAATT1620
GAAGAGCCAC TTTTCAAGCA GATATCCAAG TGTGTATCCA GTTCTCATTT TCAGGTTGCA1680
GAAAGGGCAT TGTACTTNCT NGGAATAACG AATATATTCT TAGTTTGNAT TGAGGAGAAC1740
ATTGATAAAA TTCTGCCAAT TANTGTTTGC CAGTTTGTAC AAAATTTNCC AAAGAACACT1800
GGNAATCCGA CCATTGNTAG CACTNGGTAT ACAATGTGCT GAAAACCCTA ATGGNAAATN1860
GAATGGCAAG CTTTTCGATG ACCTTACTAG CTCATACAAA GCTGAAAGAC AGAGAGAGAA1920
AAAGAAGGAA TTGGAACGTG AAGAATTATG GAAAAAATTA GAGGAGCTAA AGCTAAAGAA1980
AGCTCTAGAA AAACAGAATA GTGCTTACAA CATGCACAGT ATTCTCAGCA ATACAAGTGC2040
CGAATAAAAA AAAAGCCTCC CACCTCTGCC GGATAGGCAG AGNNTTTTGT ATGCTTTTTT2100
GAAATATGTA AAAATTACAA AACAAACCTC ATCAGTATAA TATAATTNAA AAGGCCAATT2160
TTTTNCTNGG CAACTGTNAA ATGGAAAAAT ATATNNNGGA CTAAACGTNA GCCCTGTGNC2220
TGTATCATGG CCATAGTATA TTGTAACCTT TGTCTAATCA TTGGATTTAT TGTGTCACTT2280
CTGAAGTTTC ACAGAAATGA ATGAATTTTA TCATCTATGA TATGAGTGAG ATAATTATGG2340
GAGTGGTAAG AATTATGACT TGAATTCTTC TTTGATTGTG TTGCACATAG ATATGGNTAG2400
TCTGCTCTGT ATATTTTTCC CTTTTATAAT GTGCTTTTCA CACTGCTGCA ANACCTTAGT2460
TACATCCTAG GAAAAAATAC TTCCTAAAAT AAAACTAAGG TATCATCCTT ACCCNTTCTC2520
TTTGTCTCAC CCAGNAAATA TGATNNGGGG GGAATTACCT GCCCTNAACC CCTCCCTCAA2580
TAAATACATT ACTGTACTCT GGNAATTTAN GGCAAAACCT NTAAATCTNN CCAGGCTTTT2640
TAAAGNCACA AAATNATAAA TAAAAGCTGG GAAAGTAAAC CAAAATTCTT CAGATTGTTC2700
CTCATGAATA TCCCCCNTTC CTCTNGCNAA TTCTNCCAGA GTGGTAANCA GATGGGTAGA2760
GGCNAGCTCN AGGTGAATTA CCCNAGCTTG CCTNCTNCAA NTTNCATTCC NTCCTCTTNC2820
CTCTNCAAAN GGCTNGANAG GCAGGGCCTT TNCCAGTCCT CACAACCTGT CCTTNCANCC2880
TAGNTCCCTC CTGANNCCCA NGGGATGGNA GGNCTTTNGA GNTCCCACAG TGTNGGNTGA2940
TNACAGAGCA CNTAGTTGTN CACTGNCCTG GCTTTATTTA AAGGAACTGC AGTAGGCTTC3000
CTCTGTAGAG CTCTGAAAAG GTTGACTATA TAGAGGTCTT GTANTGTTTT TACTTGGTCA3060
AGTATTTCTC ACATCTTTTG TTATCAGAGT ACCATTCCNA ATCTCTTAAC TTGCAGTTGT3120
GTGGAAAACT GTTTTGTAAT GAAAGATCTT CATTGGGGGA TTGAGCAGCA TTTAATAAAG3180
TCTATGTTTG TATTTTGCCT TAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAGGGGGGTA GCCA      3234
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3080 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155 :

GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60
GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAG 120
TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180
TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTTG AAGCTTATTC CCTATCAGAT AATGATTATG 240
ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300
TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360
CAGAAGACAG CAATGATGAT ATGGATGAAG ATGAGGTTTT TGGTTTCATA AGCCTTTTAA 420
ATTTAACTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480
TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTTT TTAAATGACA 540
CCACCAAGCC TGTGGGCCTT CTCCTAAGTG AAAGATTCAT TAATGTCCCT CCACAGATCG 600
CTCTGCCCAT GTACCAGCAG CTTCAGAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660
CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACCTTCTGA TTAGTAAGAC ATTTGTGGAA GCAGGAAAAA 720
ACAATTCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780
AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATTC TCAAGTTCAA CTACTCAGTG CAGGAGGAGA 840
GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCGAA 900
CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAACTG AAAGAATATC 960
TATCTGTCTA ACCCATTTCC AATGGACAGT GATGGGCTTG TTTTTGTAAA ATTACCAGAA1020
AACTCAGTGG AGATTTACTG AAAAACTCAG ACTTTATTCA GATTAAGTTC CTCTACAAAA1080
AGTAGGGTTC TGTCCCATGT GTCTCTGACA CATTTACAAA ATACCAGTTT TTTAAAATTT1140
TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTTCCAAG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC1200
GTAATTTAAA GAACTCAATA AAAACTTCTA TTTTTTATTT TAAAATAATA TACACAGTGT1260
TATTTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT1320
ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTTT GGGACCCTGC TGCACCTTGT GTTTGCTGGG1380
GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTCAGT TTCAGGGCAC GTCTCACACA TTTGCTGTTC1440
CTTATTCATT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGTCCTTACT1500
TTCACTAGGA GGCAGATTAC TGAAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTTCAGG1560
AGAGATTTCT GAGGTAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGGAAGAG1620
GACCCACTCT GGCATCTTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGCAAC1680
CTGCTTATGT GTCAGCATTA AGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCGAG CAATCTGCAT1740
AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTTCTTTAT GTTTAGAGTG TTTTCCTTGG AGCCAAAAGC1800
AGGTTCTGCA TAGGGAAGCT CGATTCGCTT GATAATTTCT AAGAGTTCAG CTCGAATAAC1860
ATCTGCCATT CTGAGTGCTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTTCCACACA1920

GTACTCACTG CTAGAATTCA GAGTTGTGTC TTGGTAAGCC TTGTAAATGC TGATGAGGGT1980
AAAGTGATCT CCTTCGGGAT GTAAAAATGT CTTCCAACAA GTCAAGGCAG CCTCTTCAGC2040
TCCATGTGGC ACATGTGAAA AGCAATTTGG AGCTGTTACC ATGGCCGCGA TTGTTAGCAC2100
TTCATCTACA CAGTCAAATT CACAGGACGC TAAGATAGAC TTCGAGAGTT GTGGATCAAG2160
AGGAAACTCT GACATGATGA TTCCAAATTC AGAAAGATTT CCATCATTAT CCAGTGCTGC2220
CAGATAATCT AAGTCTTCCA ATGCCTGCAT CAAACTTTCT GGTGCTGGTC TGTTCATGAA2280
GTCACAGTGG CCTAGGCCCG CAATGTCTAT CCTCTTCATA AAAAGCACCA TGCTTGTTAG2340
GTTGGCTTCC TGCATTTCTG CTGGCTTCAG TGGCGTCATG TCTTTGGAGG CAAATTCTTC2400
AGTGTACAGG CAGAAAAATT TTCCTGAAGA AGATGAGCCA AGAATCTGCT TGCGTATCTC2460
TGCCTGGCTC TGGCTGATGG GCTGCATGAC GAGCGAGTTT GCTCTTATTC TCGGGTTGTA2520
CACCTTTCTT CTTTCCACAC CCACATCGAT AACAAATCTG ACTGAGTTGC TCCAGATCAA2580
AAACTCTCCA GAGCTAGTAG TTAACACCAC TCTTCTTTGA TAAACTTGGC ATCTTTTTTC2640
TGTTTCATCG AGTGGCTTGA ACAATGAACA TTTCTCTTTT GGATACAAAG GAACAACCAC2700
CAGTTCTCCA AGATCTGGGT TTAGGTTAGA TCCTTGATAG ACAGTTTCAC AGACTTTCTC2760
AATATCTTGT TCACAGGCCA GAAAGACTAC AATGTCACCT TTCTCACCCG AGTGGTGAAT2820
TTCAAAGATA AGGCGTAAAA TAGACTCAAA AGAATCCTTT TGAGCCTCAC TAAGGTACAC2880
AACCTCCACA GGGTGTTTAT TTTTCACTTC TATGACAGGC ACGTTTCCAT AATAAGAATT2940
GAGTTTGCTG ATCAGGTGAG GTGAGGAGTT AATTATGAGC TTCAGTTCTG GTCTTGCTAG3000
TAAAACATCT TTAAGAAGTC CAAGTAACAC ATCAGTTGCA ATGCTTCTTT CATGAATATC3060
ATCTAAGATG ATGACCCCAT 3080

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156 :

GAGTGAGTGA GTGTGTTGCA TCGAATTAAG GACTCTTGAA GAGAAGAGAG GTCCATTCAG 60
GGTTGTCCAG ATTGAAGTGA GGTCTCACGG TGAAAAGAAA AGGAAAATAT TCAGACTCTC 120
TTGAAATCCA AAGAGCAAGA AGTAAATGAA CTTCTGCAAA AATTCCAGCA AGCTCAGGAA 180
GAACTTGCAG AAATGAAAAG ATACTCTGAG AGCTCTTCAA AACTGGAGGA AGATAAAGAT 240
AAAAAGATAA ATGAGATGTC GAAGGAAGTC ACCAAATTGA AGGAGGCCTT GAACAGCCTC 300
TCCCAGCTCT CCTACTCAAC AAGCTCATCC AAAAGGCAGA GTCAGCAGCT GGAGGCGCTG 360
CAGCAGCAAG TCAAACAGCT CCAGAACCAG CTGGCGGAAT GCAAGAAACA ACACCAGGAG 420

```
GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480
GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACC ATGTGTAAAA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540
AGTGGATTCC TTGGCAGGAC ACTGCCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600
GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATTCG TGGTATGCAC TGTGGCCTAG CGTAGTTCTT 660
CCCTTTCCAA AGGTTTCTGA GGACTTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCCGCCT CAGAACTGCT 720
TAGAGACTTC AAACCAGCAG AGGTGAAAGT CCCTGTCATC CCTTCAGATT CCAGAGCTGG 780
GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGTCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840
TGACTGGCTG AGTGGCTTTA TCACCACCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900
CTCCTTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTCAGCACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTTT 960
GGCTTTCAAT TCCAAAACAT GATTTAATTT CTAACTAAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020
AGTATCTGCT TAAAACCCTT CATCATGATA TCCTGTGGAT TTAAAAACTC TAATTCCATG1080
TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCCTGCTT ATCAATATTC AGTTTGATGA1140
GCACTATTAA CTAAAATATG AAACTTAAAA ACAAAAGCAA GTTGTCCTTA AAAGTTCTTT1200
TTTTAAGTAA ATTGTTGACA TACTGCAAAT TTTCTATGCA AACTTGCCTC CTGCTGTTAT1260
CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTTGT GTTTCAACAA GGGACAGTAA ACTGTGTGTT1320
TACAGCCAAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCAACT TTTGTAGAAG TATTTTTTTC1380
TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAGAT GTTTTCATAT CTGAACTCCT AAATAAGTGA1440
AATTACAGTA GATTATATTA ACAAAATACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTTAA1500
AAATATAACT TTTTCCTTAA AGTTTTCAGC TATAGCAAAA GGTAGTTATG TATGCCAGAC1560
CTAATATGAG CTGCCACCAA CACCCCTAGA ACTTTCAGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGTA1620
GCGCATTTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG AATGTTTTGA ATGCCCTGAC1680
TCTACCAGCG CCCATAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTTAG TACCAATCTG TTTTTCAACT1740
TTGAAGCTAA AAACCCTGAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800
AATATTTCTG TTCACTTTAC TTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAACACGCTT GCAACTTCCC1860
TTATGGCATT AATCTTGTTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTTAA1920
CTGAAAGTAG GGCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCCACA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980
GTGCTTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAAA2040
GCAAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTTACT TTTCTTAAGT TGTTTAATTA TAGTTAAGCA2100
ATTTCAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAAA GGACCTTTTG TCACAGCACT TCAGAAAATA2160
CACAACAGCC CCTTCTGCCC CCGCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220
TTTTGTAGGA TGCCTGACGA GGTGTAGCCT TTTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTTATTA2280
CGAGTACTCT GGTTAAATAT TGAAAAGTTA TATGCTGTAG TTTTTAGTAT TTTGTCTTTG2340
TAATTTACAG AAGTTATTGG AGAAAATAAA CTTGTTTCAT TTTGCAAAAA AAAAAAAAAA2400
ATGAAAA                                                          2407
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1625 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157 :

```
TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTA AGGTCATCTA GTTGTATTGT   60
ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTTCAACT GTTTTTACCT ATAAGATTTT  120
GCAACCAAAG ACTTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAAG GGCTAGTATG  180
AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA  240
CTTGCCCCAG GCTGTCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT  300
GCTTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT  360
TTTCTAATTA TGTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTGC TATTTGTGTG CTAATGTCCT  420
AAGTGAAGTT CTGCAGACCA TCTGGGTCAA AGTGCATTTC GCATGATCAA AAATGAAGAA  480
CCACTGGTTG TCACGGAGAC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT  540
CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GTAACAAGTT CTTGAATTCT  600
ATCATCTAGT AATTTTGATT AAGAGAAACT AAAAGCAGCC CAAACAATTC CACTAGTATT  660
CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGCTGC TTCACACAGG  720
TTACAAAGAA CTATTTACTA CTTTTTCATA GATAAAGCCC CTGACCTTCA AGAAAGTGTT  780
AGGGAAAAAA ATTATTTAAT CCCTTCCTTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTTT  840
TTTTTAAACT AGATCTAAGA AAGAAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTTG CTTGAGCCAA  900
AAGACATAGG AAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATTC CTAAGAAATA TGAGGTAAAA  960
AGATGAAATC TTTAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTTG CTACTCTCCA 1020
AAAAGTGGAA GGACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT 1080
GTAACTAGAG CTGTGCTAAG CTTCATATTC GTGAGGGCAT CTAAAATGCC ACTCCACAGC 1140
ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTTT CATGGATTTC TGGCCGAATG 1200
TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCAAG ACTTCATCCC TGTTCTGCCG GAAGTATGTC 1260
TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG 1320
GATCCCAATG CCGCAGCTTC CTTGGCCTTG AATTCTTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT 1380
TCAATTTCAG CCTGAGCTTC TTCTTTGGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTTGCGG 1440
GCCTCGGACA CCTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCGGCCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCCTGA 1500
GACTGACTAG CCATGGCGGC AGCGATTCTG AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG 1560
AAGGCCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC 1620
CTTCG                                                              1625
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1402 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158 :

```
TAAAGCTGCG GCGGCGGTTC GCGTTTCTCG TGTCCGCTTG ACTGACAGCT GCGCGGCGGG  60
AGCGGGCGGC GCGAGCGGGA GGCGGCGGCG CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTCGCACCCA 120
CCACCTGCCT GCCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCCTGAG CACCGCCTGG TCTCTTTCCT 180
GTGGCCAGCC CAGAACTGAA GCGCTGCGGC ATGGCGCGCG CCTGCCTCCA GGCCGTCAAG 240
TACCTCATGT TCGCCTTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTCGCCACGC TGTCCTCTTC CTTCCCGTCC 360
CTGTCGGCTG CCAACCTGCT CATCATCACC GGCGCCTTTG TCATGGCCAT CGGCTTCGTG 420
GGCTGCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAG TGCCTCCTGC TCACTTTCTT CCGGTGCTGC 480
TGGTGTTCCT GCTGGAGGCC ACCATCGCCA TCCTCTTCTT CGCCTACACG GACAAGATTG 540
ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGCACCT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
TGGGCCTCAC CAACGCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGCTGCTGT GGCGTCTCCA 660
ACTACACTGA CTGGTTCGAG GTGTACAACG CCACGCGGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
AGTTCAGTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCCC CCGGCACCTG GTGGAAGGCG CCGTGCTACG 780
AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACC TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCCTGACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
AGGCAGACAC CTACTGCGCG TAGGCCGCCC ACCGCCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCCC 960
ACGGGGAGAT GGCCGCACCC ACAGCTGCCT TTCCCACCAC CAGCCTCGGT GCTCTGCCCC1020
ATGCTGGGAG GAGGGAGGGA GGGACAGGTG CCTGGAGCCC CCGGAACCCT GTTTCTGGAA1080
GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCCTCC GGACCCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC1140
TGGCTGCGGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTTAT ATTTACGTAT1200
TCTCCAAAGC AGTGTTCACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAAAACAGG1260
TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCACTGGT CCTGGTGCTC1320
CAGGCGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCCCGTGGGG CTCCTGGTGC1380
ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC                                          1402
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2159 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159 :

TAGAATATTC ATGTGAGTTC ATTCCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60
TATACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAATCTAC 120
TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180
TATCAAAAAG AGGTTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGGCGCAAAA GGAGGCAAGA 240
AGAATGGGAG AAAGTTCGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300
CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360
GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTTCCT 420
TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACTAAT AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAACTGAA 480
AGAACTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGGTTGGA ATTTCTCAAG AGAACAAGAA 540
GGAAGTGGAA AAGAAACTGA CTGTGAAGCC TATAGAAACC AAGAACAAGT TCTCCCAGGC 600
GAAGTGTTGG CAGGAGCTGT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 660
CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720
GGAAACACCT CCCTGAGTGG CCCCTCCATC CACTGCCCCT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780
ATCCTCCCAG GCCTGGGTGC CTACTCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840
GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCTCCA TCTTCCGAAC CAACACCTTC 900
CTCGAGGCCC CCTAGTTTCT CCGTCCCTAC ACAGGGAGCT CCTCCCCAAG GGTAGATCGG 960
ACCGTTCATG CTGCCTATAG GCATTATGTC CCTCAAAAAA AAACTCCTTT GCCTGCATCC1020
TGTGTACAAC ATGACATTTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080
GCCCGAATCG TGTTTGGTTC CTCTTTCTAC TCCACTGCAG ATGACCAAAC CTGTCCCGCT1140
GCCACTTTCC TCACTGATAT TGGGAGGAGG GCAAGGCCCA GCCGAAGTTC CACTAAAAAT1200
GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CCAAAGGGTT TGGGTTTTAT TGCTTTCTGT1260
TTTTTCTTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTTAAA1320
CATTCTATTG TAAATGAATG TGTTGTTTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGGAA1380
GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCCTGGA ACTAACCAGT CCTTGATGTT1440
GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCCAT CTGCTGGGGG TGTCACTTCA CACTCGGCAT1500
GCATTGTGAA AGCTTTCCAT ACCCTTGGCC ATTCCCTCTC TCCTCTCTCT CCAACCCCAT1560
TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAGAACG CTTCCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620
AAATTATTTT ATGTTTGTTT TTGAAATAAA GGATTTAGTT TAAGATTCTA AATTTTAGAG1680
AAACAAACGT AGGCCTTGTT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740
ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCCTGG AATCCTAATA TTGTAAATGA GTGGGACACA1800
CTTGCATATT GTGACCATTC TATTGAGGCC CTTCTCTGTT TAATGCATAT TATACTTGTG1860
CTTTTAACTG TGGAATCTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CCTAGTACTT TTCTTTTGCT1920
GCCTCTGCTG CTCTTTTTCC TTTTCCAAAC AGCAAACTCT GAGGCCATGA GCAGCCAAAA1980
ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040
GAGGAGGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGAGACATG AGTTTGACAA2100
CAATCTGTAG GCCGCCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTCC GCTATTCCC 2159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 :

TCACCCGCCT TAGAAAATTC AAAGAAAGAT GGGAAGGAAA GTCCTGAGGA ATATAGACAG 60
ACATTTTTAA CCGCAGACGT TTAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120
CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAGTCATC ATCGGGAAGC CCCAGGGGTC TTCTAGTTTT 180
GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCGACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240
GAGAAAGAAC GGCGAAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGGT TAGAACGCAG GCGCAGCAGA 300
AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360
AGGGATCGAG AAAGAGAGAA AGAAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGACTATGAT 420
AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAAGAAA GGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480
TAGAAGAGAA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGGCG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540
ATTCCAAGAA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAAGCAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600
GGAGTCGAAG TAGAAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAAAGAG AAATCAAGTA 660
AACATAAAAA TGAAAGTAAA GAAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGGC AGTCAAGGAA 720
GAACTGACAG TGTTGAAAAA TCAAAAAAAC GGGAACATAG TCCCAGCAAA GAAAAATCTA 780
GAAAGCGTAG TAGAAGCAAA GAACGTTCCC ACAAACGAGA TCACAGTGAT AGTAAGGACC 840
AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAAGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAAC 900
AGCATAAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960
CCTATAAATG ATTAAATCTG CTTTTTTCCC CCACGTTGAG ATTGTGCAGT AGTTCGCACT1020
CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTTC ATTTCCTCTT TCGTGTAGGG AAGTGCCTTT1080
GTAATTCCAT TTATTGCATT GGTGTTTTCA CCCAATTGTT AAGTTTGATA CATGATGCAC1140
AGATTGTTCT TGCATTTTTA TTGTTTGTTT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGTCCTG1200
AAAATGTTTT AATTCCTTTG GCATGGTTGC CATGTTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA1260
ACTGCCACTA ATCTATTTTT GTTTTGTAGG TGTGGGATTA TGGTTTGTGT ACTGAAGTTA1320
GCATGGCTGT GCTTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT1380
ATTATAGGAG AAGTATGTGC TGCCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTAGG ATTAACATTC1440
TTGTCTACTG TATATTATCT TGGAAGGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA1500
CAGTTACCTT TAGAGAGAAT TTATGAGAAG TTAGTTTCTG ATGCAGAGGT TTTTAGGCTG1560
TGATTTCATC AAAAGTCCTT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCTAAAA1620
TTTATTCACT TAGTTTTCCT TTTTTATTTG AAAAAATACA TGACATGTAA TCTTTTTTTC1680
TTGAATTCTT TCTCAGATTT TAAAGTACTA TATTAAAGAA AAAAATTAAT GTCTAAAGCC1740
TAGCATTCTT GCAGAACCCT ATACTAACAT GTAATGGGGA GAGGGTGGGG CAGATGAGTA1800
GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTTA TAAATGGAAA ATCCTTAAAT1860
TATGAAACAG CTTGATATAG TGTCCTTTTT TTAAAATTCA GAACTTTTTT TATTGATAAT1920
GGAGATTGCT GTTTGAGTTT TTAAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC1980
TGTGCTGCAT TATTTAAGAC TATCAGCAAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGTA2040
TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAAATCC TTTATCCTGG2100
GTCTTGGCTT TTCCCCCATT TGTTAAATTT TTTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT2160
GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTTGTGTAC AGGGATGTCT TAGTGCCCAG ATGACAAGTG2220
AATTTTGGAG AAATGCATAG ACTGGGATTG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA2280
ATACTTGATA ATGGCAGTTC CCTTTGTCAG TGGTTGTTAC ATGTGTCATT TGATTACTTT2340
GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGGATAC CTTTTACTTG GACAATATGT TAGCATTTTT2400
TAAAATTTGG ACTTGAAATT CTTTAAGATA ATTCACCCAA TTCTTTTTAG AAAAGAAAAT2460
AGAGGCCCAA AGTAATGATG TCAGTGCTAG GGCTAAAACT CAGTATTCTG ACAGTGTAGT2520
GAACCTGGCA CGCACATTGA GGTTTGTTTT ATCTCACTGG TTATACTGGC CAACTAATGC2580
GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAAATGTTA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT2640

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTTTA GAAAAATCTC ATTAAATGAA2700
TTCTTCTAAA AATGATATGC TTTTTTCTTT TTTAAGAAAA TTCCTTTGTC TTTTAAATTG2760
AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA 2795

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1711 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 :

TCGGCGAGCA ACGCTGGAGC ATCCCGCTCT GGTGCCGCTG CAGCCGGCAG AGATGGTTGA 60
GCTCATGTTC CCGCTGTTGC TCCTCCTTCT GCCCTTCCTT CTGTATATGG CTGCGCCCCA 120
AATCAGGAAA ATGCTGTCCA GTGGGGTGTG TACATCAACT GTTCAGCTTC CTGGGAAAGT 180
AGTTGTGGTC ACAGGAGCTA ATACAGGTAT CGGGAAGGAG ACAGCCAAAG AGCTGGCTCA 240
GAGAGGAGCT CGAGTATATT TAGCTTGCCG GGATGTGGAA AAGGGGGAAT TGGTGGCCAA 300
AGAGATCCAG ACCACGACAG GGAACCAGCA GGTGTTGGTG CGGAAACTGG ACCTGTCTGA 360
TACTAAGTCT ATTCGAGCTT TTGCTAAGGG CTTCTTAGCT GAGGAAAAGC ACCTCCACGT 420
TTTGATCAAC AATGCAGGAG TGATGATGTG TCCGTACTCG AAGACAGCAG ATGGCTTTGA 480
GATGCACATA GGAGTCAACC ACTTGGGTCA CTTCCTCCTA ACCCATCTGC TGCTAGAGAA 540
ACTAAAGGAA TCAGCCCCAT CAAGGATAGT AAATGTGTCT TCCCTCGCAC ATCACCTGGG 600
AAGGATCCAC TTCCATAACC TGCAGGGCGA GAAATTCTAC AATGCAGGCC TGGCCTACTG 660
TCACAGCAAG CTAGCCAACA TCCTCTTCAC CCAGGAACTG GCCCGGAGAC TAAAAGGCTC 720
TGGCGTTACG ACGTATTCTG TACACCCTGG CACAGTCCAA TCTGAACTGG TTCGGCACTC 780
ATCTTTCATG AGATGGATGT GGTGGCTTTT CTCCTTTTTC ATCAAGACTC CTCAGCAGGG 840
AGCCCAGACC AGCCTGCACT GTGCCTTAAC AGAAGGTCTT GAGATTCTAA GTGGGAATCA 900
TTTCAGTGAC TGTCATGTGG CATGGGTCTC TGCCCAAGCT CGTAATGAGA CTATAGCAAG 960
GCGGCTGTGG GACGTCAGTT GTGACCTGCT GGGCCTCCCA ATAGACTAAC AGGCAGTGCC1020
AGTTGGACCC AAGAGAAGAC TGCAGCAGAC TACACAGTAC TTCTTGTCAA AATGATTCTC1080
CTTCAAGGTT TTCAAAACCT TTAGCACAAA GAGAGCAAAA CCTTCCAGCC TTGCCTGCTT1140
GGTGTCCAGT TAAAACTCAG TGTACTGCCA GATTCGTCTA AATGTCTGTC ATGTCCAGAT1200
TTACTTTGCT TCTGTTACTG CCAGAGTTAC TAGAGATATC ATAATAGGAT AAGAAGACCC1260
TCATATGACC TGCACAGCTC ATTTTCCTTC TGAAAGAAAC TACTACCTAG GAGAATCTAA1320
GCTATAGCAG GGATGATTTA TGCAAATTTG AACTAGCTTC TTTGTTCACA ATTCAGTTCC1380
TCCCAACCAA CCAGTCTTCA CTTCAAGAGG GCCACACTGC AACCTCAGCT TAACATGAAT1440

```
AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA1500
GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAAT TGTGTATATC1560
TTTGTGTGTC TTCCTGTTTA TGTGTGCCAA GGGAGTATTT TTCACAAAGT TTCAAAACAG1620
GCCACAATTA ATTCAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAGTGGC CATTCCAGTC TTTTTGGCAA1680
TGGAAATGGG TGGGCGAAGG GGGTGTCGGT T                                1711
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 271 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

```
RXGCPRXMPX AKSXXVXXTL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLPD RXLQMLXSPC  60
SPAXXGPAPP AGRXFXRGXA AXHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120
XXSSRNASSS LSVRLADCAX VPQVNHPGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSXX 180
XSVVXCCAGR XPLXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240
SSPENFPEXL RLVPTAFPAW GHPXPVXPGC H                                271
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

```
LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXXG  60
XACXAAXPRX KXRPAGGAGP KXAGLHGEXS ICRXLSGRXL XXARXQRXSE XXLGXPXPGX 120
GXRXPSVXXT XXLLAXGIXR GQPXRQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180
```

WV

182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

```
PVGPXRSPPT SRTRSWRRSG RSXXAXSKPK SXKHXPLPEX XLEIAHEKLR HAESVGRXAX  60
RVEPXSRXXS XALLEGXDXR XLGYTVXEAS AGXCPAGXSX ELGXNEXLXG XWGXPSPAXE 120
XGXXAXXGPX GSWPVAFXVD SPAVRVAGAG TGCRGRKDXF LVTCSRCRRD TXAWWW     176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR  60
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVH         113
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```
QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK  60
TLPSLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP                        100
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```
GSSKMLHLLE SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNFDGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG  60
TRFLLHILIY GKNDLGSLLC FLVSRVSEEP F                                 91
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

```
SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY  60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLYEVSQLK D                                           141
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

```
SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAAA ARPVVTPTRG SLFPLLDLLS FFVEEASMGA  60
QFSKTAAKGE AAAERPGEAA VASSPSKANG QENGHVKVNG DASPAAAESG AKEELQANGS 120
APAADKEEPA AAGSGAASPS SAEKGEPAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240
AEAPAAEGGK DEAAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEAA 300
VAPEKPPASD ETKAAEEPSK VEEKKAEEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAEEPAA 360
AAASSACAAP SQEAQPECSP EAPPAEAAE                                   389
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

```
GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNGTR  60
PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPSGKPR LKVETKVSVE LHREEQGSHR 120
GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTYPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180
TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI   238
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

```
SFITAFRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL  60
TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVLSTVTA 120
LLLAVQLHAD LGLHLQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPI 180
FPQLPPHRPR CLTSVRRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGDP CSSWA                  225
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 344 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

```
TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPRPGDQEP PALRCGREAL AGAEEKLGGV  60
PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEMSSS SPPAGAASAA 120
ISASEKVDGF TRKSVRKAQR QKRSQGSSQF RSQGSQAELH PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180
LQQCCILFDF MDSVSDLKSK EIKRATLNEL VEYVSTNRGV IVESAYSDIV KMISANIFRT 240
```

LPPSDNPDFD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPD FQPSIAKRYI DQKFVQQLLE 300
LFDSEDPRER DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

QKSSCCSFEV ASLSWGSGCS SAWLPWLRNC DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60
LAAPAGGDDD DISAALTLGS SGCCLQGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRPCAP APRPSGPGTP 120
PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVDSGRA DGGREPEV 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRRGA STPRLSPASS CRLRRCPCLA SSSRSCQASG 60
PRRCRRRRRR RGLPAPPSRP RRKWTASPGN RSARRRGRSA PRARRSFAAR AARQSCTRCP 120
SSKMPLQMNN KSFSVRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 564 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```
GVIILDDIHE RSIATDVLLG LLKDVLLARP ELKLIINSSP HLISKLNSYY GNVPVIEVKN  60
KHPVEVVYLS EAQKDSFESI LRLIFEIHHS GEKGDIVVFL ACEQDIEKVC ETVYQGSNLN 120
PDLGELVVVP LYPKEKCSLF KPLDETEKRC QVYQRRVVLT TSSGEFLIWS NSVRFVIDVG 180
VERRKVYNPR IRANSLVMQP ISQSQAEIRK QILGSSSSGK FFCLYTEEFA SKDMTPLKPA 240
EMQEANLTSM VLFMKRIDIA GLGHCDFMNR PAPESLMQAL EDLDYLAALD NDGNLSEFGI 300
IMSEFPLDPQ LSKSILASCE FDCVDEVLTI AAMVTAPNCF SHVPHGAEEA ALTCWKTFLH 360
PEGDHFTLIS IYKAYQDTTL NSSSEYCVEK WCRDYFLNCS ALRMADVIRA ELLEIIKRIE 420
LPYAEPAFGS KENTLNIKKA LLSGYFMQIA RDVDGSGNYL MLTHKQVAQL HPLSGYSITK 480
KMPEWVLFHK FSISENNYIR ITSEISPELF MQLVPQYYFS NLPPSESKDI LQQVVDHLSP 540
VSTMNKEQQM CETCPETEQR CTLQ                                        564
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

```
KLNHVLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWKE HSLQEASAHH SVVIKPLSQS GMEEGAPLPA  60
SGPDLWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKSL SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPQCIP 120
RMRTMAAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI 180
QKMHSVN                                                          187
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

```
KEKENIQTLL KSKEQEVNEL LQKFQQAQEE LAEMKRYSES SSKLEEDKDK KINEMSKEVT  60
KLKEALNSLS QLSYSTSSSK RQSQQLEALQ QQVKQLQNQL AECKKQHQEV ISVYRMHLLY 120
AVQGQMDEDV QKVLKQILTM CKNQSQKK                                     148
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
MISRRTVSTN LFFNFEAKNP DMVILWCIAE VSEKKYFCSL YFQVKNVSNT LATSLMALIL  60
LRERDRILDS PKYLTESRAC SDRAHVPQGC LASVGAWLCW MIC                    103
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
AACLALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL  60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING                                                          129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

```
LTAARRERAA RAGGGGAELG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLS TAWSLSCGQP RTEALRHGAR  60
LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPVGC QPAHHHRRLC 120
HGHRLRGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLKKGLHL 180
YGTQGNVGLT NAWSIIQTDF RCCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLHAPGTW 240
WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVKADT YCA        293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

```
STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV  60
YDPRSLYERL QEQKDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL             168
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

```
PQEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEQVL PGEVLAGAVK HKSSESGNSV KRLKPDPEPD  60
DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 120
KIVSSIFRTN TFLEAP                                                 136
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

```
WCLRCLSWTR SRCSQSRHPG LGGCRYILQQ RGSGWRGHSG RCFRETCRMR ALDSCHLAQG  60
PVSVFSHCCH SLSSYASQLL PTLRLGELVL GFYRLHSQFL FHFLLVLLRN SNLLEVISVF 120
LQFFQFFFSS LLFY                                                   134
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:195:

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
LPLRLRLFDF SLLSFLCLLD FSLLLLLLRF PAFLLRLLLL CFLSLLLLLL CFFSFLESLL  60
SSLCRLSSLS SLCFFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSLFLDPCPF 120
YPLSYHDFDC DFYAFPYFCC ACVLTPGQYF GIFAVLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN  179
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

(A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY  60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPV PSIPFPITTS TATSMPFPTS AAPAF                  165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

(A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```
TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSRSRSRN  60
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV                    163
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 335 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```
RRATLEHPAL VPLQPAEMVE LMFPLLLLLL PFLLYMAAPQ IRKMLSSGVC TSTVQLPGKV  60
VVVTGANTGI GKETAKELAQ RGARVYLACR DVEKGELVAK EIQTTTGNQQ VLVRKLDLSD 120
TKSIRAFAKG FLAEEKHLHV LINNAGVMMC PYSKTADGFE MHIGVNHLGH FLLTHLLLEK 180
LKESAPSRIV NVSSLAHHLG RIHFHNLQGE KFYNAGLAYC HSKLANILFT QELARRLKGS 240
GVTTYSVHPG TVQSELVRHS SFMRWMWWLF SFFIKTPQQG AQTSLHCALT EGLEILSGNH 300
FSDCHVAWVS AQARNETIAR RLWDVSCDLL GLPID                             335
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201 :

```
gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcctccctg tgttggtgga ggatgtctgc  60
agcagcattt aaattctggg agggcttggt tgtcagcagc agcaggagga ggcagagcac 120
agcatcgtcg ggaccagact cgtctcaggc cagttgcagc cttctcagcc aaacgccgac 180
caaggaaaac tcactaccat gagaattgca gtgatttgct tttgcctcct aggcatcacc 240
tgtgccatac cagttaaaca ggctgattct ggaagttctg aggaaaagca gctttacaac 300
aaatacccag atgctgtggc cacatggcta aaccctgacc catctcagaa gcagaatctc 360
ctagccccac agaatgctgt gtcctctgaa gaaaccaatg actttaaaca agagaccctt 420
ccaagtaagt ccaacgaaag ccatgaccac atggatgata tggatgatga agatgatgac 480
gaccatgtgg acagccagga ctccattgac tcgaacgact ctgatgatgt agatgacact 540
gatgattctc accagtctga tgagtctcac cattctgatg aatctgatga actggtcact 600
gattttccca cggacctgcc agcaaccgaa gttttcactc cagttgtccc cacagtagac 660
acatatgatg gccgaggtga tagtgtggtt tatggactga ggtcaaaatc taagaagttt 720
cgcagacctg acatccagta ccctgatgct acagacgagg acatcacctc acacatggaa 780
agcgaggagt tgaatggtgc atacaaggcc atccccgttg cccaggacct gaacgcgcct 840
tctgattggg acagccgtgg gaaggacagt tatgaaacga gtcagctgga tgaccagagt 900
gctgaaaccc acagccacaa gcagtccaga ttatataagc ggaaagccaa tgatgagagc 960
aatgagcatt ccgatgtgat tgatagtcag gaactttcca aagtcagccg tgaattccac1020
agccatgaat ttcacagcca tgaagatatg ctggttgtag accccaaaag taaggaagaa1080
gataaacacc tgaaatttcg tatttctcat gaattagata gtgcatcttc tgaggtcaat1140
taaaaggaga aaaaatacaa tttctcactt tgcatttagt caaaagaaaa aatgctttat1200
agcaaaatga aagagaacat gaaatgcttc tttctcagtt tattggttga atgtgtatct1260
atttgagtct ggaaataact aatgtgtttg ataattagtt tagtttgtgg cttcatggaa1320
actccctgta aactaaaagc ttcagggtta tgtctatgtt cattctatag aagaaatgca1380
aactatcact gtattttaat atttgttatt ctctcatgaa tagaaattta tgtagaagca1440
aacaaaatac ttttacccac ttaaaaagag aatataacat tttatgtcac tataatcttt1500
tgtttttaa gttagtgtat attttgttgt gattatcttt ttgtggtgtg aataaatctt1560
ttatcttgaa tgtaataaga atttggtggt gtcaattgct tatttgtttt cccacggttg1620
tccagcaatt aataaaacat aacctttttt actgcctaaa aaaaaaaaga gaaaagaaaa1680
aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag                                1712
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202 :

caggaggaat tctatgcctg acgcgggagc catgcgcccc ctccgccctg ccactcacta 60
gcatcttggg ggggtggccg ctgagtggca ggggacagga gtccactttg tttcgtgggg 120
aggtctaatc tagatatcga cttgtttttg cacatgtttc ctctagttct ttgttcatag 180
cccagtagac cttgttactt ctgaggtaag ttaagtaagt tgattcggta tccccccatc 240
ttgcttccct aatctatggt cgggagacag catcagggtt aagaagactt ttttttttt 300
tttaaactag gagaaccaaa tctggaagcc aaaatgtagg cttagtttgt gtgttgtctc 360
ttgagtttgt cgctcatgtg tgcaacaggg tatggactat ctgtctggtg gccccgtttc 420
tggtggtctg ttggcaggct ggccagtcca ggctgccgtg gggccgccgc ctctttcaag 480
cagtcgtgcc tgtgtccatg cgctcagggc catgctgagg cctgggccgc tgccacgttg 540
gagaagcccg tgtgagaagt gaatgctggg actcagcctt cagacagaga ggactgtagg 600
gagggcggca ggggcctgga gatcctcctg cagaccacgc ccgtcctgcc tgtggcgccg 660
tctccagggg ctgcttcctc ctggaaattg acgaggggtg tcttgggcag agctggctct 720
gagcgcctcc atccaaggcc aggttctccg ttagctcctg tggccccacc ctgggccctg 780
ggctggaatc aggaatattt tccaaagagt gatagtcttt tgcttttggc aaaactctac 840
ttaatccaat gggtttttcc ctgtacagta gattttccaa atgtaataaa ctttaatata 900
aagtagtcct gtgaatgcca ctgccttcgc ttcttgcctc tgtgctgtgt gtgacgtgac 960
cggacttttc tgcaaacacc aacatgttgg gaaacttggc tcgaatctct gtgccttcgt1020
ctttcccatg gggagggatt ctggttccag ggtccctctg tgtatttgct tttttgtttt1080
ggctgaaatt ctcctggagg tcggtaggtt cagccaaggt tttataaggc tgatgtcaat1140
ttctgtgttg ccaagctcca agccccatct tctaaatggc aaaggaaggt ggatggcccc1200
agcacagctt gacctgaggc tgtggtcaca gcggaggtgt ggagccgagg cctaccccgc1260
agacaccttg gacatcctcc tcccacccgg ctgcagaggc cagaggcccc cagcccaggg1320
ctcctgcact tacttgctta tttgacaacg tttcagcgac tccgttggcc actccgagag1380
gtgggccagt ctgtggatca gagatgcacc accaagccaa gggaacctgt gtccggtatt1440
cgatactgcg actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg1500
ggtcggctga ccatgctcat ctgctggtcc gtgggacggt gcccaaacca gaggctgggt1560
tcatttgtgt aacgacaata aacggtactt gtcatttcgg gcaaaaaaaa 1610

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161

 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

 oder

 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50,51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.

23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.

26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.

34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

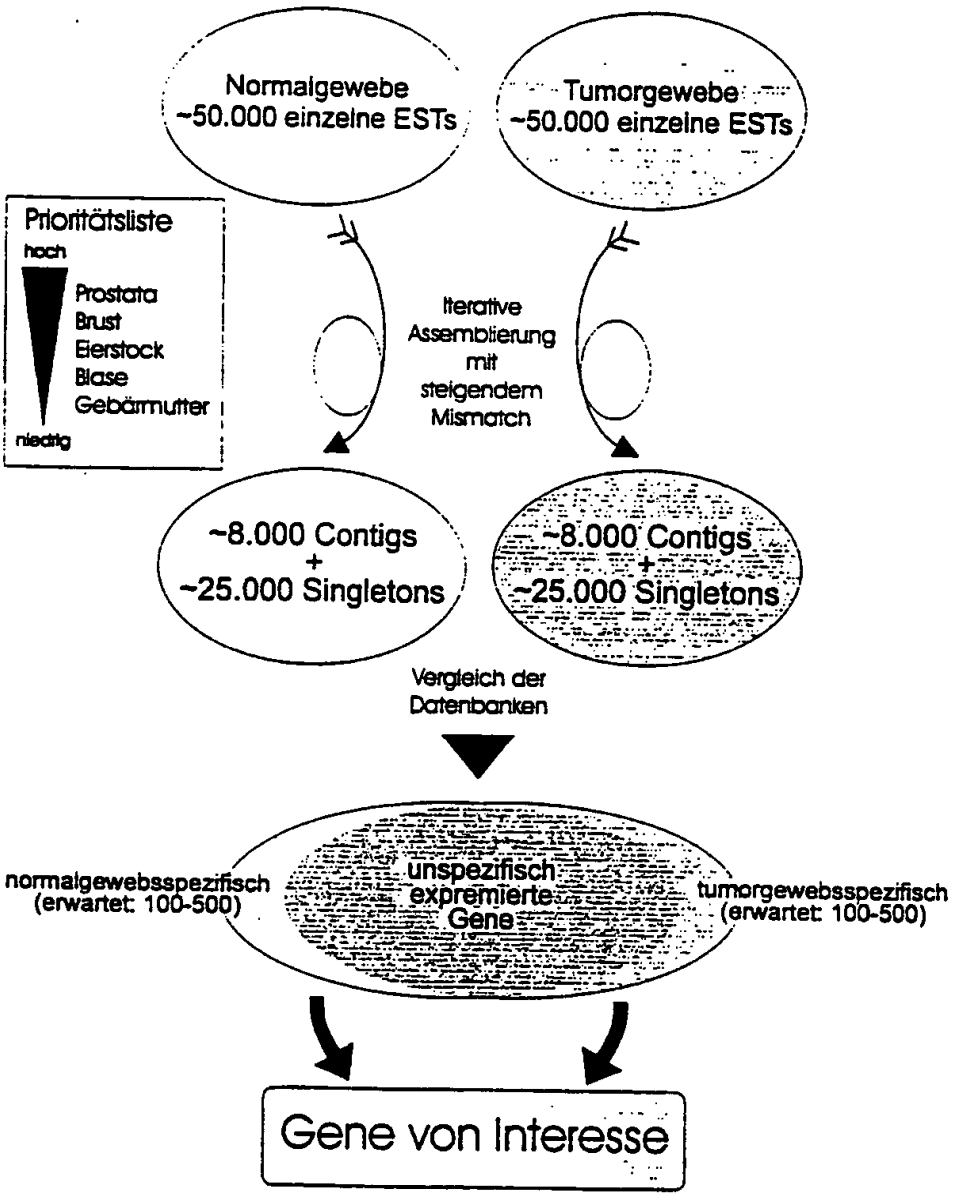


Fig. 1

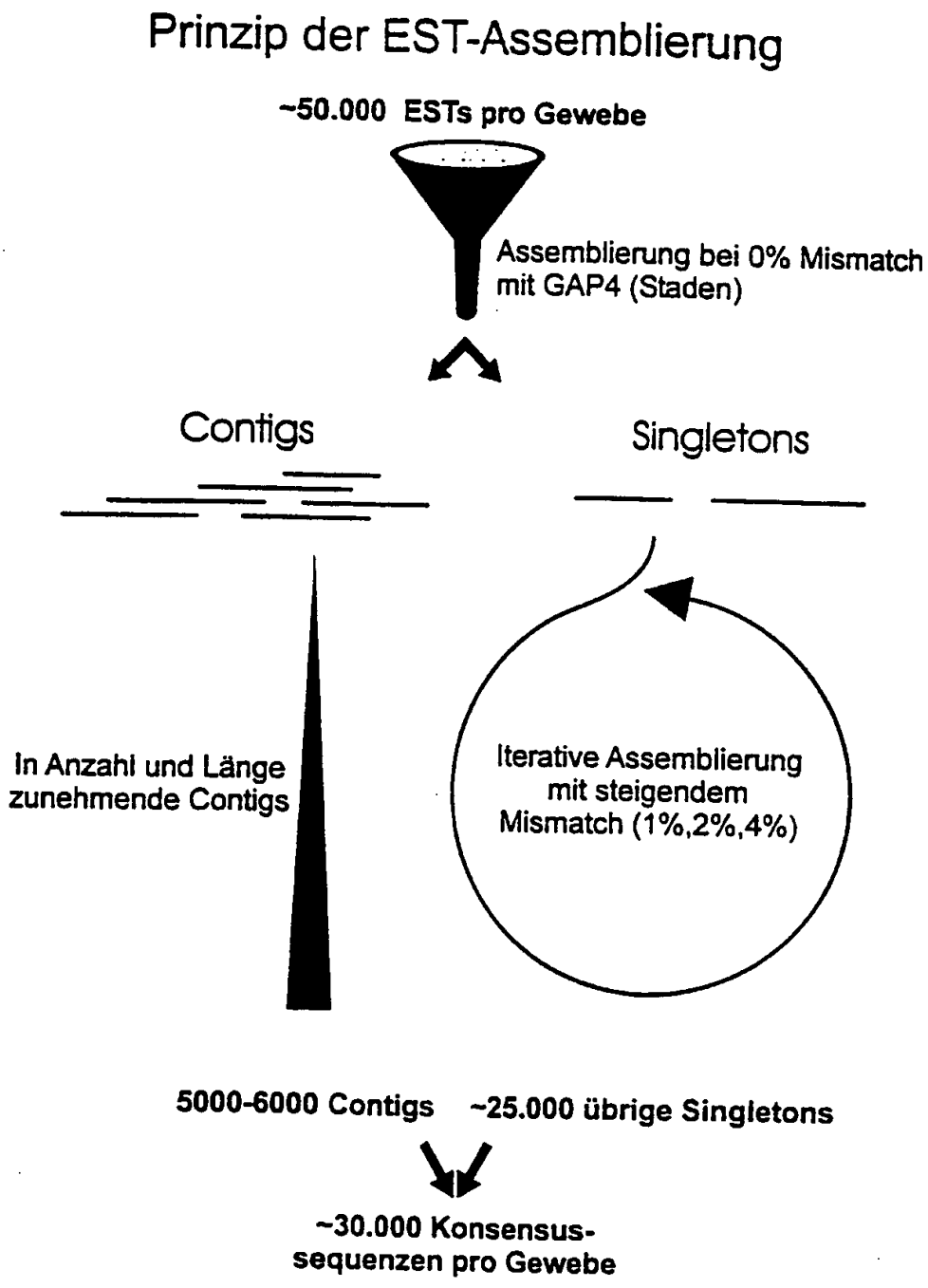

Prinzip der EST-Assemblierung
~50.000 ESTs pro Gewebe
Assemblierung bei 0% Mismatch mit GAP4 (Staden)
Contigs
Singletons
In Anzahl und Länge zunehmende Contigs
Iterative Assemblierung mit steigendem Mismatch (1%,2%,4%)
5000-6000 Contigs
~25.000 übrige Singletons
~30.000 Konsensus-sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

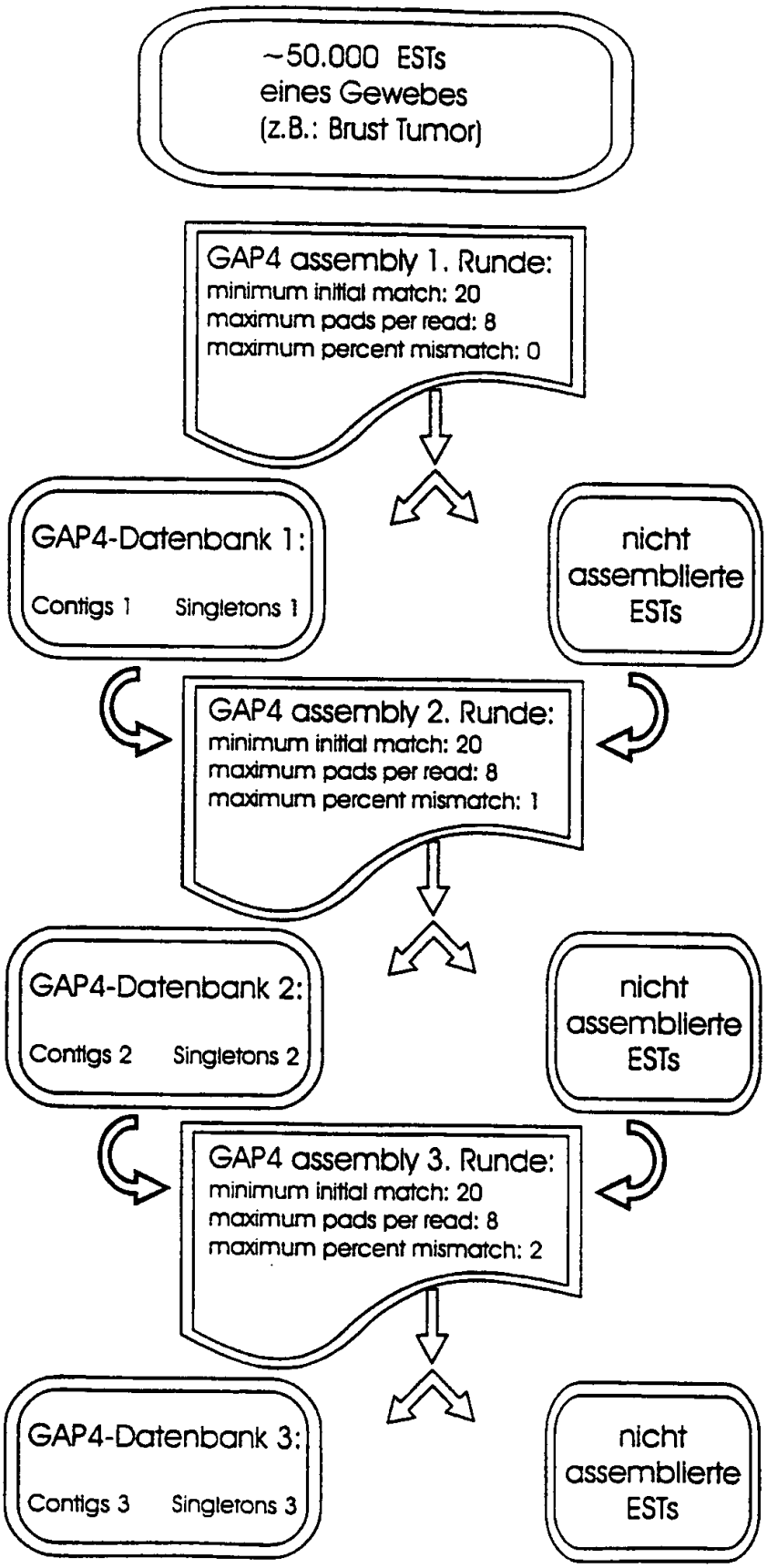

~50.000 ESTs
eines Gewebes
(z.B.: Brust Tumor)
GAP4 assembly 1. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 0
GAP4-Datenbank 1:
Contigs 1
Singletons 1
nicht assemblierte ESTs
GAP4 assembly 2. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 1
GAP4-Datenbank 2:
Contigs 2
Singletons 2
nicht assemblierte ESTs
GAP4 assembly 3. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 2
GAP4-Datenbank 3:
Contigs 3
Singletons 3
nicht assemblierte ESTs

Fig. 2b1

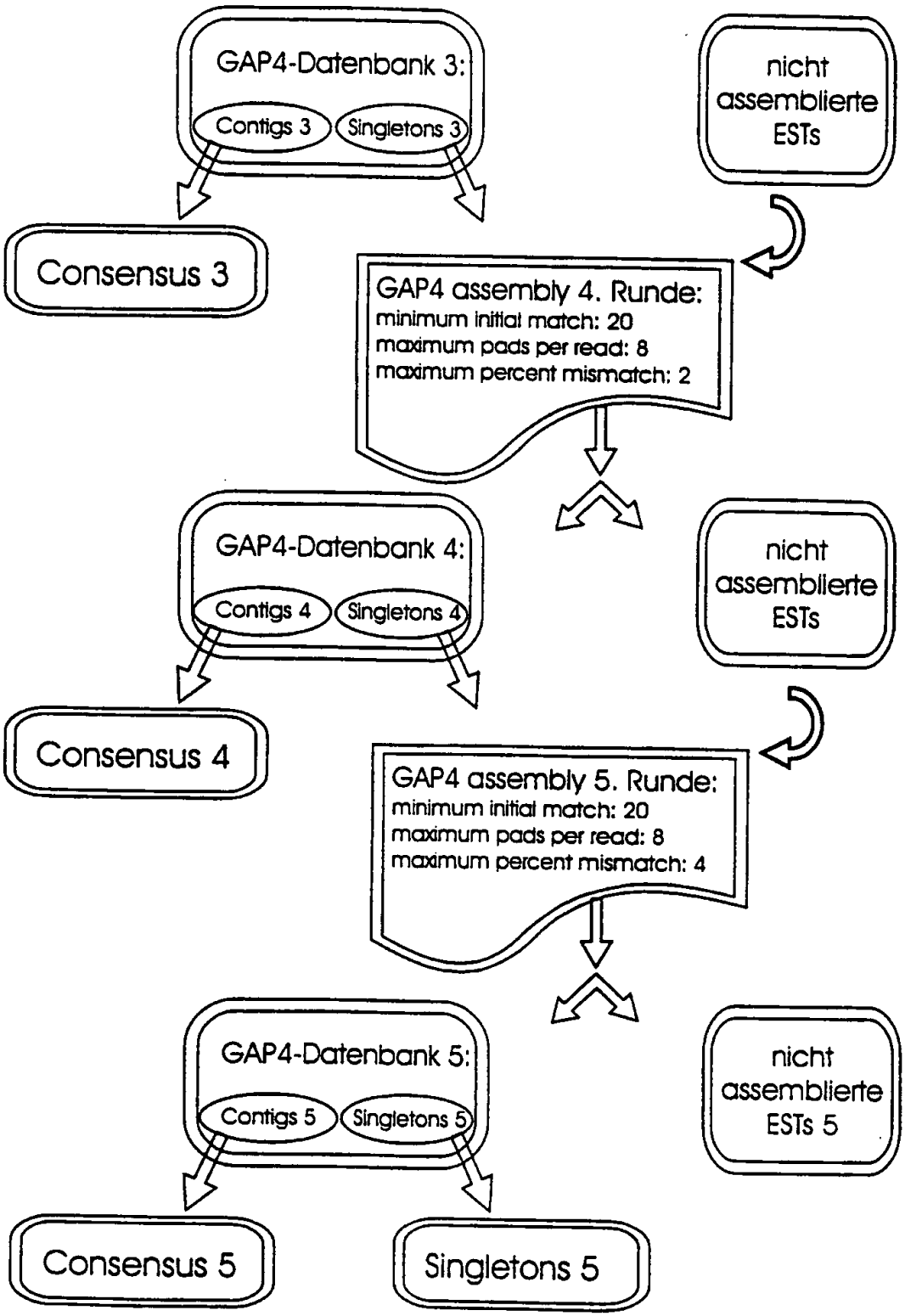

GAP4-Datenbank 3:
Contigs 3
Singletons 3
nicht assemblierte ESTs
Consensus 3
GAP4 assembly 4. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 2
GAP4-Datenbank 4:
Contigs 4
Singletons 4
nicht assemblierte ESTs
Consensus 4
GAP4 assembly 5. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4
GAP4-Datenbank 5:
Contigs 5
Singletons 5
nicht assemblierte ESTs 5
Consensus 5
Singletons 5

Fig. 2b2

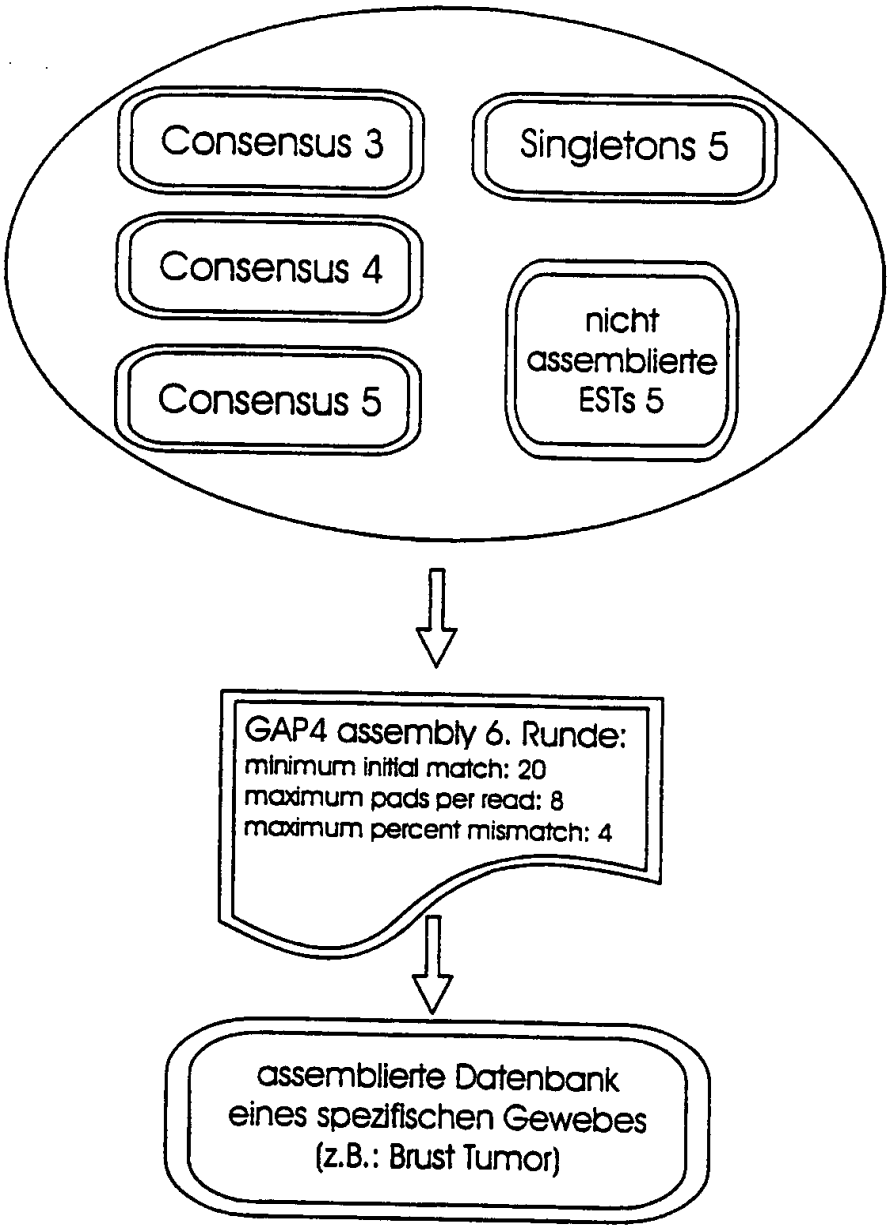

Consensus 3
Singletons 5
Consensus 4
nicht assemblierte ESTs 5
Consensus 5
GAP4 assembly 6. Runde:
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4
assemblierte Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Brust Tumor)

Fig. 2b3

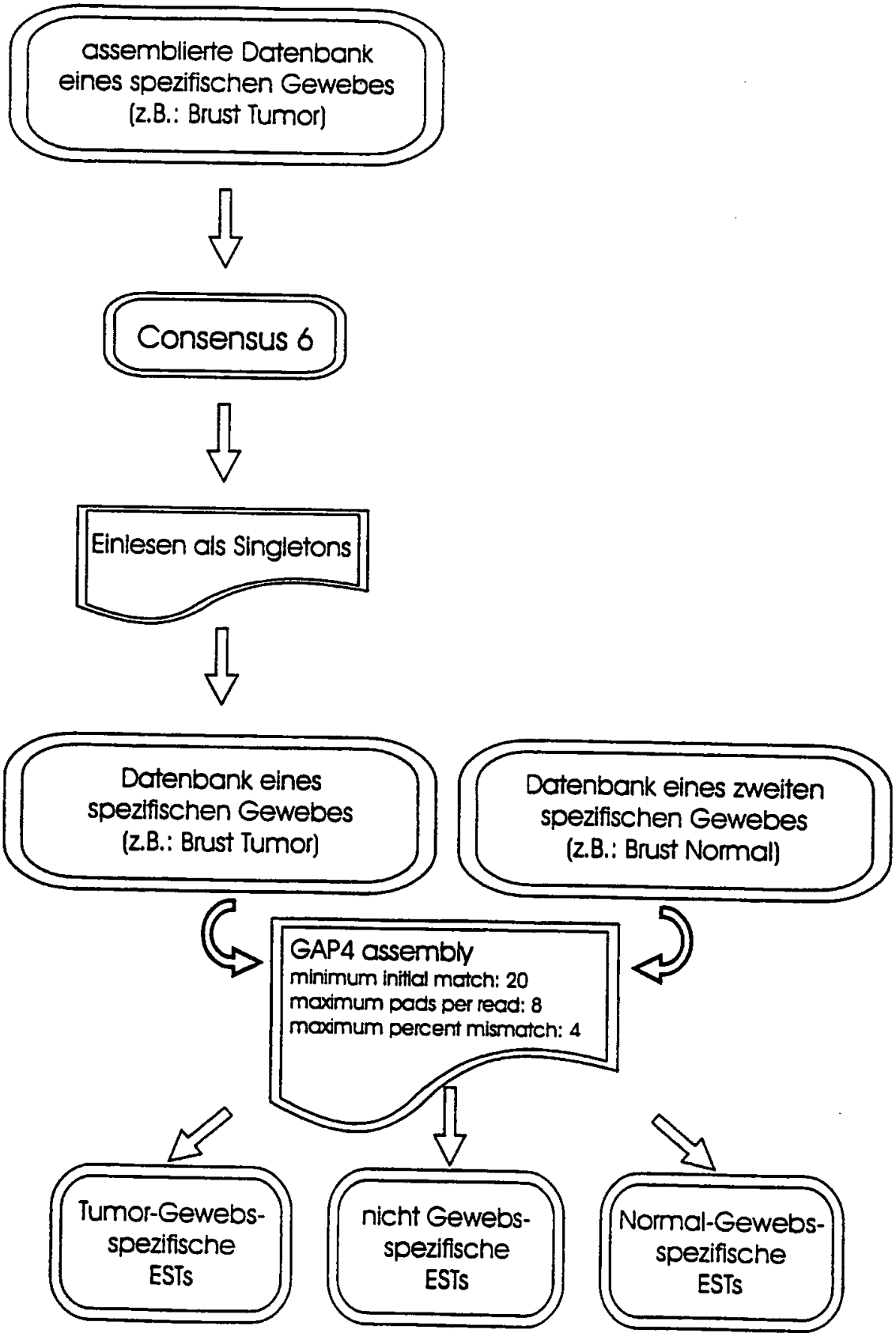

assemblierte Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Brust Tumor)
Consensus 6
Einlesen als Singletons
Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Brust Tumor)
Datenbank eines zweiten spezifischen Gewebes (z.B.: Brust Normal)
GAP4 assembly
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4
Tumor-Gewebs-spezifische ESTs
nicht Gewebs-spezifische ESTs
Normal-Gewebs-spezifische ESTs

Fig. 2b4

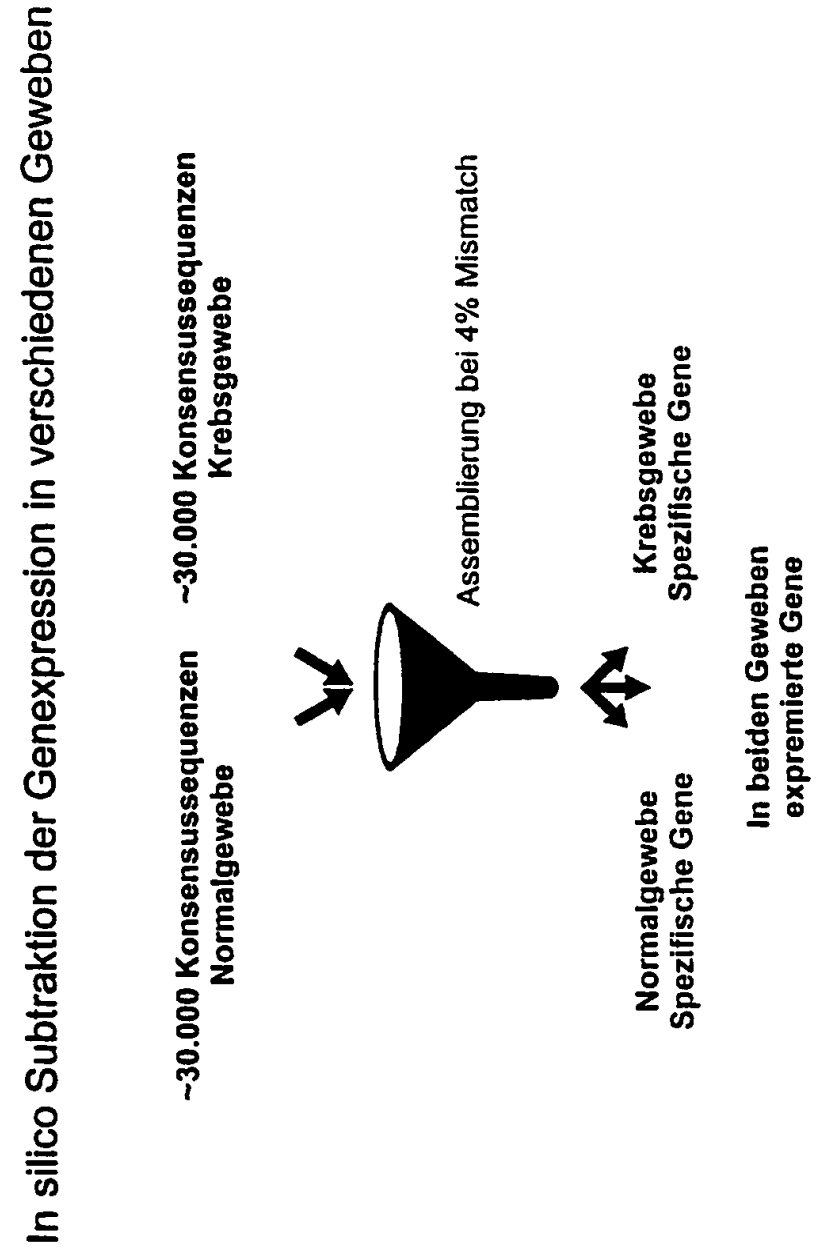

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
~30.000 Konsensussequenzen Normalgewebe
~30.000 Konsensussequenzen Krebsgewebe
Assemblierung bei 4% Mismatch
Krebsgewebe Spezifische Gene
Normalgewebe Spezifische Gene
In beiden Geweben expremierte Gene

Fig. 3



Gene von Interesse

Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern (INCYTE LifeSeq und öffentliche EST Datenbanken)

Kandidatengene für Tumorsuppressoren oder Tumoraktivatoren

Fig. 4a

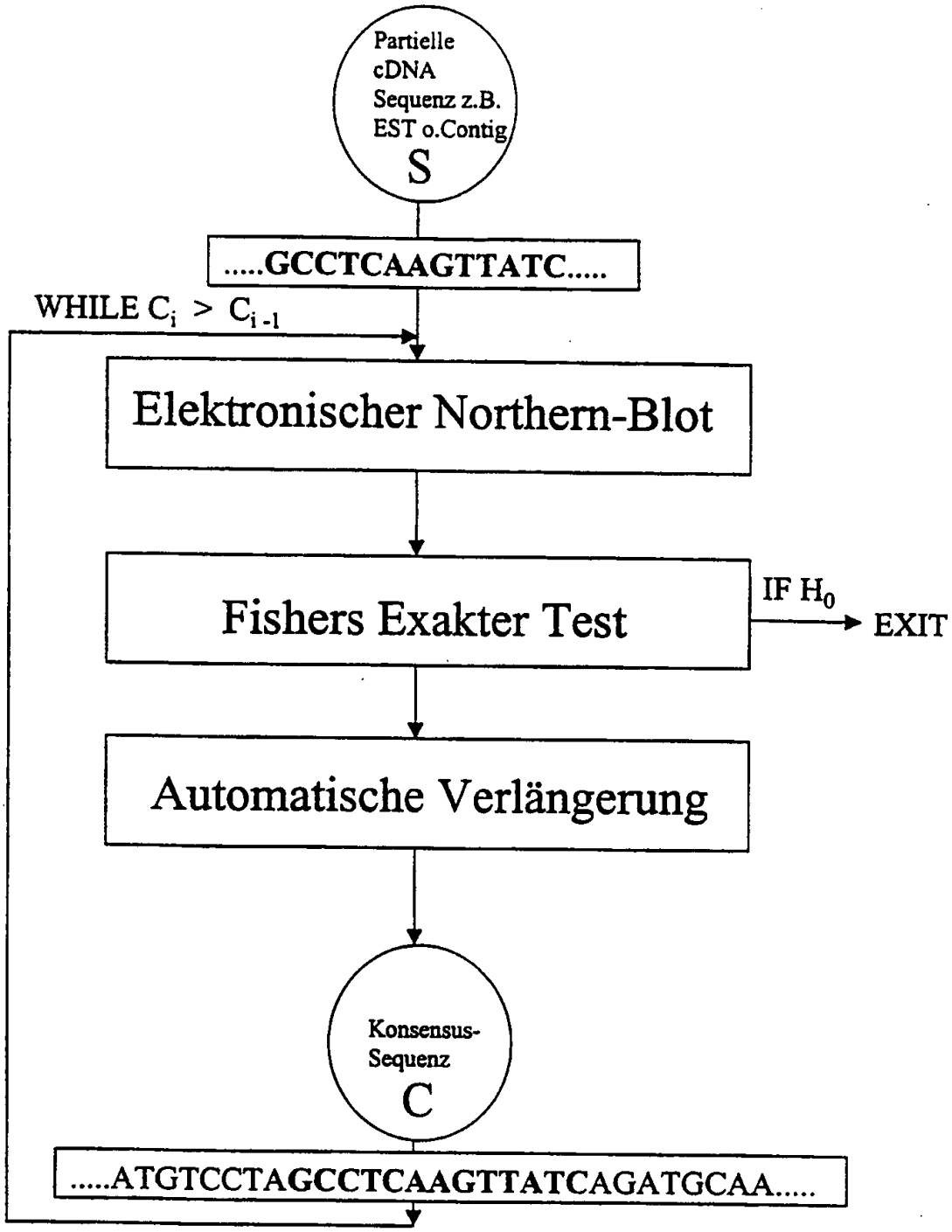

Partielle
cDNA
Sequenz z.B.
EST o.Contig
S
.....GCCTCAAGTTATC.....
WHILE $C_i > C_{i-1}$
Elektronischer Northern-Blot
Fishers Exakter Test
IF H_0
EXIT
Automatische Verlängerung
Konsensus-
Sequenz
C
.....ATGTCCTAGCCTCAAGTTATCAGATGCAA.....

Fig. 4b

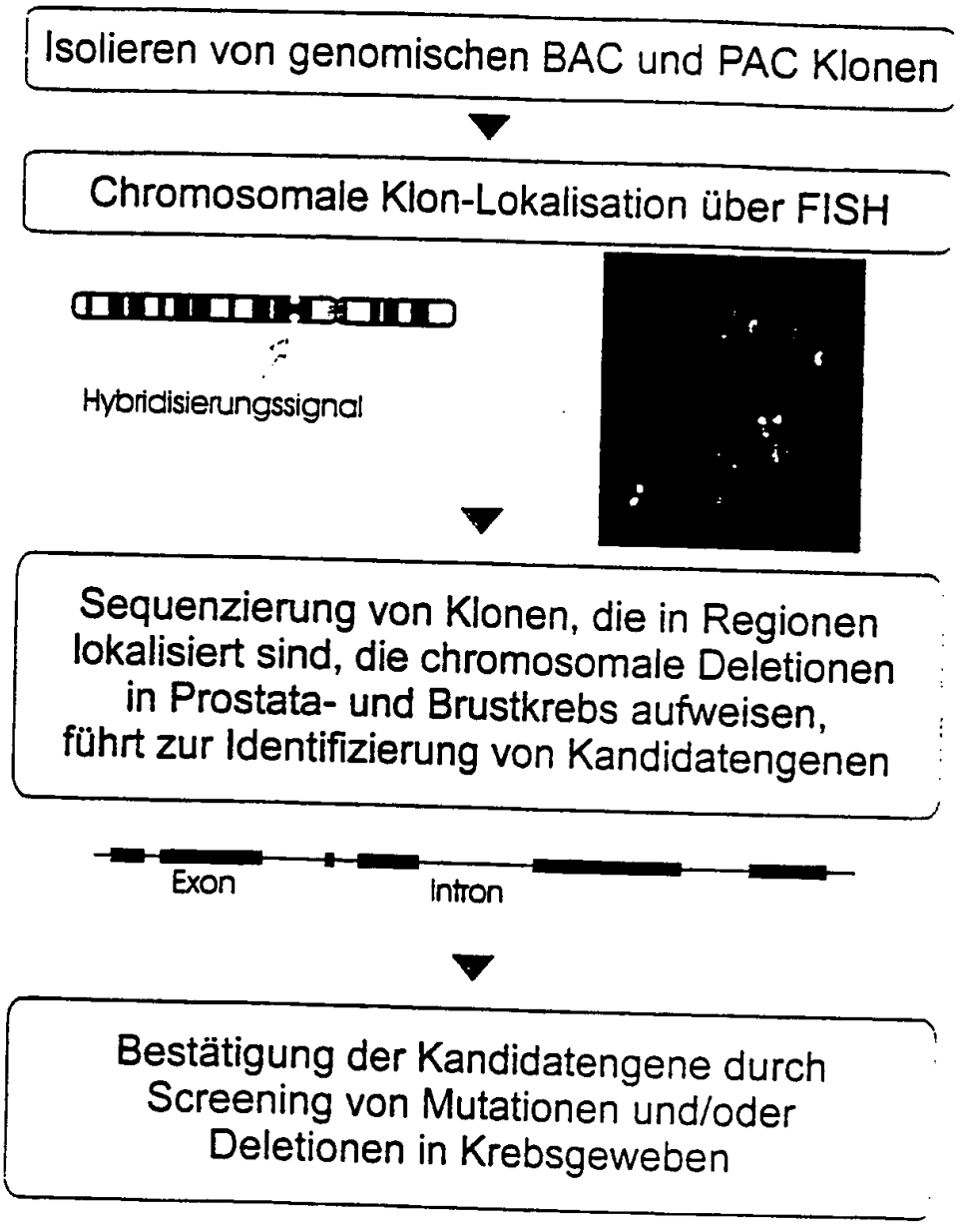

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen
Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH
Hybridisierungssignal
Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen
Exon
Intron
Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5